

RÉPUBLIQUE DE COTE D'IVOIRE

MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR DE LA RECHERCHE ET DE
L'INNOVATION TECHNOLOGIQUE

Etude de la morphologie des fruits et des graines de
différentes provenances de Teck (*Tectona grandis*.L.f)

CIRAD Forêt
IDEFOR Département Foresterie
mars 1998

Ginès MALDONADO
Division Amélioration Génétique

Sommaire	pages
Introduction	3
0. Préambule	5
0.1. Eléments de biologie florale du Teck	5
0.2. Analyse phénotypique et valeur génétique	5
1. Matériel et Méthodes	7
1.1. Conditions de Récolte	7
1.2. Dispositif expérimental	7
1.3. Mesures et observations effectuées	7
1.4. Critères calculés	10
1.5. Traitement statistique des données	12
1.5.1. Analyses de Variance	12
1.5.2. Analyses en Composantes Principales	12
1.5.3. Analyse Factorielle	14
1.6. Outils informatiques de traitement de données	14
2. Résultats	14
2.1. Résultats des analyses de variance	14
2.1.1. Première série d'analyses (4 blocs, clones > 3 ramets)	14
2.1.2. Etablissement d'une clé de détermination provisoire et partielle	15
2.1.3. Seconde série d'analyses (4 blocs, tous clones)	15
2.1.4. Calcul des variances phénotypiques et génétiques	16
2.2. Résultats des Analyses en composantes principales	16
2.2.1. Etude des corrélations	16
2.2.1.1. Matrice de corrélation entre variables	16
2.2.1.2. Relations entre les variables et les axes principaux	18
2.2.2. Représentation des clones selon différents systèmes d'axes	18
2.2.2.1. Selon les variables long, larg, diam	18
2.2.2.2. Selon les variables R1, R4, R5	20
2.2.3. Conclusion	20
2.3. Résultats de l'analyse factorielle	20
2.4. Clé de détermination définitive	22
2.4.1. Méthode	22
2.4.2. Résultats	22
3. Discussion	24
3.1. Problèmes d'échantillonnage et traitement statistique des données	24
3.2. Choix des critères discriminants	25
3.3. Limites de l'étude	25
Conclusion	26
Bibliographie	
Annexes	

Introduction

Le Teck, *Tectona grandis* Linn.f est une essence de bois d'oeuvre sud-asiatique qui manifeste une importante variabilité génétique dans son aire d'origine. Sous l'égide de la FAO et du DANIDA, des essais internationaux de provenances ont été conduits pour définir les caractéristiques fondamentales de l'espèce et fournir du matériel végétal afin de le tester localement et déterminer les meilleures origines pour réaliser les plantations. Les échantillons de graines proviennent des peuplements naturels et artificiels de l'aire d'origine mais aussi de régions où le Teck a été introduit depuis le début du siècle, afin d'avoir la plus grande représentativité.

En Côte d'Ivoire, ces essais comparatifs de provenances ont été mis en place en 1970 à la Séguié et en 1974 à la Téné (Biro et Villeneuve, 1970; Delaunay et Diabaté, 1974). Au total, 24 provenances ont été testées à partir desquelles on a sélectionné 106 arbres "+" ou ortets essentiellement sur des critères de forme. 100 de ces arbres "+" ont été mobilisés par greffage pour constituer le Verger à graines à la Sangoué (Souvannavong, 1982). Les ramets ou copies obtenues par multiplication végétative ont été répartis aléatoirement dans 8 blocs.

La présente étude essaie de déterminer les traits morphologiques caractérisant un clone, une provenance ou un ensemble de provenances sur les fruits et les graines de Teck. Elle fait suite à une précédente étude effectuée sur la même idée sur les traits morphologiques des feuilles (Rouyrre, 1993). Le but de cette étude est de constituer une clé de détermination permettant de reconnaître sur la base de caractéristiques morphologiques simples l'origine de tel ou tel arbre. En corollaire à cette étude, on peut tenter, par analogie, de rapprocher les provenances africaines avec celles de l'aire naturelle et ainsi essayer d'en localiser la possible origine génétique.

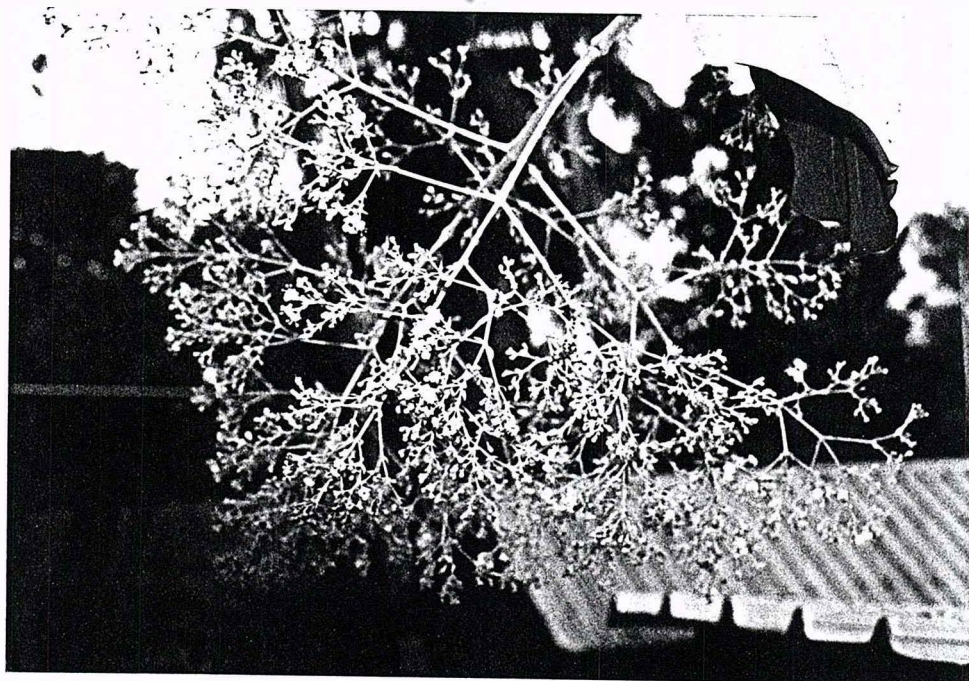
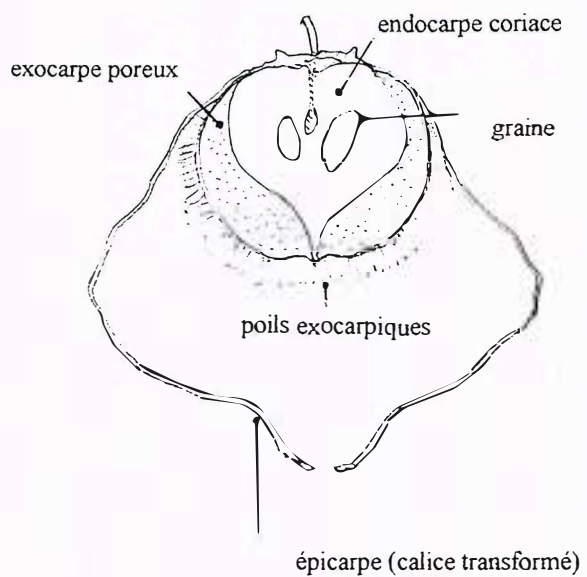
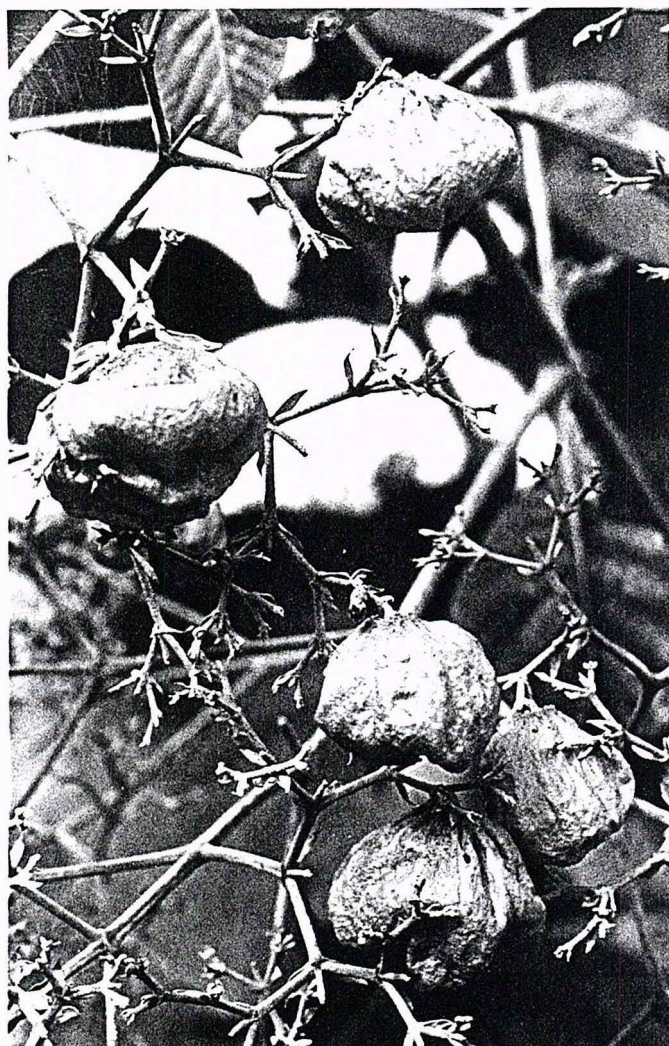


Figure 1 : Inflorescence de Teck. IDEFOR-DFO, Abidjan

Figure 2 : Fruits verts de Teck. Verger à graines. IDEFOR-DFO, Foro Foro (Bouaké)
Coupe longitudinale de fruit de Teck (x2)



0. Préambule

0.1. Quelques éléments de biologie florale du Teck

Le Teck fleurit entre 6 et 8 ans, parfois plus tard. En Côte d'Ivoire, il peut fleurir dès 2 ans (Dupuis, Verhaegen, 1991). Les fleurs sont en position apicale et forment de larges panicules contenant jusqu'à 2700 boutons floraux (Tangmitcharoen, Owens, 1997) (cf figure 1, annexe 0). Elles sont hermaphrodites. La pollinisation est entomogame et principalement allogame (Tangmitcharoen, Owens, 1997). La période de pollinisation s'étend d'avril à octobre approximativement avec un pic en juillet-août. La fructification commence en juillet et la maturation des fruits se prolonge jusqu'en décembre avec un maximum en octobre-novembre (Bonnet-Masimbert, 1971; Béhaghel, 1993). La production de fruits est bien sûr très basse comparée à la profusion de fleurs présentes.

Le fruit se présente sous la forme d'une drupe (cf figure 2). Le calice enflé forme l'enveloppe extérieure, l'épicarpe qui, à maturité, prend un aspect parcheminé et côtelé. Le fruit à proprement parler comporte deux couches : une externe, l'exocarpe, plus ou moins poreux présentant souvent des poils irritants en périphérie et l'endocarpe strié, coriace et lignifié. L'endocarpe comporte 4 loges qui peuvent abriter jusqu'à 4 graines. Généralement, les fruits ne comptent qu'une à deux graines fertiles, rarement quatre (Dupuis, Verhaegen, 1991).

0.2. Analyse phénotypique et valeur génétique

L'étude de ce rapport se base sur plusieurs observations faites sur la morphologie des fruits et des graines de Teck. Autrement dit, on s'intéresse ici à caractériser des groupes d'individus (clones, provenances) à partir de l'examen de l'expression phénotypique de certains de leurs caractères fruitiers. Or, il est essentiel dans ce cadre de distinguer l'effet génétique de l'effet milieu pour cerner la valeur génétique du critère choisi.

La valeur phénotypique d'un individu i dans une répétition j s'exprime comme suit (Gallais, 1986) :

$$P_{ij} = \mu + G_i + e_{ij}$$

où G_i est la valeur génétique recherchée, e_{ij} l'effet milieu confondu avec la répétition j de l'individu i . Dans le cas du Verger à graines de Teck de la Sangoué où la population est considérée comme panmictique, les clones sont répartis en blocs complets randomisés. On peut émettre l'hypothèse d'indépendance entre l'effet génotype et l'effet milieu; on a alors la variance de la valeur phénotypique de la forme :

$$\sigma^2_P = \sigma^2_G + \sigma^2_e$$

Une analyse de variance à effets aléatoires permet d'avoir accès aux différentes composantes de la variance (cf tableau 3).

Tableau 3 : Tableau d'Analyse de Variance (génotypes répétés n fois, randomisation complète)

Source de variation	d.d.l	CM	Espérances
Génotype	$(g-1)$	CM_G	$n\sigma^2_G + \sigma^2_e$
Résidu	$g(n-1)$	CM_e	σ^2_e

avec g : nombre de génotypes
 n : nombre de répétitions

Tableau 1: Provenances Verger à graines de Teck Sangoué

code	provenance	pays	n°clones	T	Trec	latitude	longitude	Altitude	précipitations
1.a	Nellicutha	Inde	<i>1.2.12.16.17.33.34.46.47.48.55.66.73.74.75</i>	15	12	11°17 N	76°14 E	400	2700
2.b	Nilambur	Inde	<i>3.5.9.10.11.13.14.15.49.56.57.70</i>	12	9	11°21 N	76°21 E	50	2565
3.c	Kihuwi	Tanzanie	<i>4.18.38.39.40.43.44.52.64.69</i>	10	5	5°12 S	38°39 E	240	1880
4.d	Bamoro	Côte d'Ivoire	<i>6.100.103</i>	3	2	7°48 N	5°07 W	310	1100
5.e	Djibelor	Sénégal	7	1	1	12°35 N	16°16 W	10	1650
6.f	Kokond ékro	Côte d'Ivoire	8	1	1	7°37 N	5°07 W	300	1100
7.g	Mtibwa	Tanzanie	<i>19.27.28.29.35.50.51.63.78.79</i>	10	7	6°08 S	37°39 E	460	1160
8.h	Huoi Nam Soon	Thaïlande	<i>20.21.22.30.31.32.53.54.62</i>	9	3	18°17 N	100°08 E	-	1350
9.i	Vernoli Range	Inde	<i>23.24.41.45.58.67.68.77</i>	8	6	15°12 N	74°37 E	-	1500
10.j	Mae Huat	Thaïlande	<i>25.26.36.37.59.60</i>	6	2	18°45 N	99°59 E	350	1200
11.k	Pong Salee	Thaïlande	<i>42.61.65.71.72.76</i>	6	1	19°08 N	100°01 E	350	1500
12.l	Bigwa	Tanzanie	<i>80.83.93.96.97</i>	5	2	6°50 S	38°39 E	580	900
13.m	Ban Cham Pui	Thaïlande	81.85.88	3	0	18°29 N	99°49 E	520	1200
14.n	Masale Valley	Inde	<i>82.91.92.98.99.102</i>	6	2	11°55 N	76°10 E	823	1500
15.o	Pak Lay East	Laos	<i>84.94.104</i>	3	1	18°13 N	101°25 E	150	1200
16.p	Ban Pha Lay	Thaïlande	<i>86.90.101.106</i>	4	3	18°13 N	99°59 E	200	1100
17.q	Purunakote	Inde	<i>87.89.95.105</i>	4	2	20°00 N	84°00 E	133	1200-1500

T : total des clones représentant chaque provenance

T rec : total des clones (*en italique*) récoltés en novembre 1997.

Comme on l'a déjà dit, l'hypothèse d'indépendance de l'effet milieu et de l'effet génotype sous-entend un dispositif en blocs complets randomisés. Or, la grande irrégularité des clones représentés dans la récolte 1997 du Verger à Graines de la Sangoué introduit nécessairement des biais. La structure équilibrée du dispositif est essentielle pour la réalisation des analyses de variance.

1. Matériel et Méthodes

1.1. Conditions de récolte

L'étude a été effectuée à l'occasion de la récolte de graines en novembre 1997 au Verger à graines de Tecks de la Sangoué. Fondé sur les comparaisons morphologiques individuelles intraclones, inter clones, voire inter provenances, le travail de détermination implique comme préalable la vérification de l'identité des clones. Or, on a constaté qu'il existe une certaine pollution génétique au sein du verger dû au développement incontrôlé des porte-greffes au dépend des greffons (Madéore, 1995). Le verger est divisé en huit blocs comprenant chacun 100 clones répartis aléatoirement ; la récolte de graines 1997 a tenu compte des résultats des analyses génétiques en excluant les arbres sur lesquels des doutes ont été révélés. Au total, 59 clones ont été récoltés sur les 100 présents, en 139 lots différents. Les 17 provenances du Verger à graines sont représentées par au moins un clone à l'exception de Ban Cham pui, Thaïlande pour lequel aucun clone n'a été récolté (cf tableau 1, annexe 1).

1.2. Dispositif expérimental

On n'a pas suivi de dispositif particulier. L'analyse a porté sur l'examen d'un échantillon de 20 fruits tirés aléatoirement dans chacun des lots récoltés. La localisation sur l'arbre des infrutescences d'où proviennent les fruits n'est pas précisée ; ce facteur n'est pas pris en compte dans cette étude. Les mesures et les observations ont été effectuées sur ces 139 échantillons représentant l'ensemble des clones de la récolte 1997.

L'irrégularité de la fructification, la révélation d'identité génétique fausse ainsi que la mortalité des arbres, importante dans les blocs 5, 6, 7 et 8 ont considérablement réduit le nombre de lots récoltables et entraînent que chaque clone soit représenté par un nombre faible et inégal de ramets allant de 1 à 5 (cf tableau 2, annexe 2). Les clones pour lesquels au moins trois ramets ont pu être récoltés ne constituent que 40,6% du total. Lors de la campagne 1997, on a tenu à récolter exclusivement les arbres bien identifiés. Les données manquantes du tableau 2 correspondent essentiellement aux ramets pour lesquels l'analyse génétique n'a pas encore été menée ou pour lesquels elle s'est révélée négative ou douteuse. Le rétrécissement du nombre de ramets considérés devrait renforcer la qualité des semences récoltées ainsi que la fiabilité des résultats de cette étude. En revanche, le petit nombre d'observations réalisées constituent un problème certain de représentativité statistique.

On peut donc considérer le dispositif comme un dispositif à 8 blocs incomplets déséquilibrés. Cet inconvénient majeur, notamment pour les analyses de variance, pourra être corrigé en réduisant le nombre de blocs ou de clones considérés dans l'analyse pour rééquilibrer le dispositif.

1.3. Mesures et observations effectuées

Les mesures et les observations ont été réalisées en laboratoire. Elles ont commencé seulement deux jours après la fin de la récolte. Les conditions de transport des fruits en sacs n'ont pas nui significativement à la forme ou l'aspect de ces derniers.

Pour chaque lot, 20 fruits ont été mesurés en longueur (long) et en largeur (larg) avec un double décimètre, ainsi que le diamètre des graines (diam). Les fruits sont globalement réguliers et symétriques par rapport à l'axe central. Néanmoins, on a choisi systématiquement de prendre le profil de plus grande largeur pour effectuer les mesures, exprimées en millimètres.

Bloc N°clone	1	2	3	4	5	6	7	8	nbre ramets récoltés	Bloc N°clone	1	2	3	4	5	6	7	8	nbre ramets récoltés
1 *	X	X	X	X	?	?	?	?	4	45 *	O	X	X	X	?				3
2	X	↘	X	↘	?	?	?		2	46	X	X	↘	↘	?	?			2
3 *	X	X	X	↘	?				3	48 *	X	↘	X	X			?		3
4 *	X	X	X						3	49 *	X	X	X	↘	↘	↘		↘	3
5	X	↘	X	↘	?	?			2	50	↘	O	X	↘	↘	↘	↘	↘	1
6	X	↘	X	↘	?	?	?	?	2	51	O		↘	X	↘	↘	X	↘	2
7 *	X	X	X	X	?	?			4	53	↘		?	X	↘	X	↘		2
8 *	X		X	↘	X	↘	↘	↘	3	55 *	↘	X	X	X	?	?	?		3
9		X			X	↘			2	57 *	X	X	↘	X	?	?		?	3
10 *	X	X	X	X	?	?	?		4	58	X	↘	X	↘	↘			↘	2
13	↘		X		↘	X			2	60 *	X	X	X	↘	?	?			3
14	X	X	↘		↘				2	63	↘	X	↘	↘	X		↘		2
15 *	↘	X	X	X	?		?	?	3	64	↘	X	↘		O	↘			1
16 *	↘	X	X	↘	X	↘			3	66 *	?	X	X	X	?			?	3
17 *	X	X	X	X		?	?		4	68	X	↘	↘	?	↘	↘	↘	X	2
19	X	↘	X	↘	O	↘	↘		2	74 *	↘	X	X	↘	↘	X	↘	↘	3
21	↘	X	O	↘	↘		↘		1	75	?	?			X	?	X	?	2
22	↘	O	O	O					0	76	?	?			X		X		2
23	↘		X	↘			↘	↘	1	77	X	↘	X		↘		↘		2
24	↘		O	X	X			↘	2	80 *	X	X	O	X	?	?	?	?	3
26	↘	X	?	O		?		?	1	82 *	?	↘	↘	↘	↘	↘	↘	X	1
27 *	X	X	X	O	X				4	89			↘	↘	X	↘		X	2
28 *	X	X	X	X		?		?	4	90	?		↘	X	↘				1
32 *	O	X	↘	X	X	X		X	5	92	X	X	↘	↘					2
33	↘	X	↘	X	?		?		2	93	↘		O		↘	↘	X	↘	1
34 *	X	X	X	X	?		?		4	94	X	O	↘	↘	?	?	?	?	1
35	↘	X	X						2	95	X	?	?	X	?	?	?	?	2
38	?	X	?						1	100	X	X	↘	?	O	?	?	?	2
40	X	X	↘	↘				?	2	101 *	X	↘	X		↘			X	3
44	X	X	↘	↘		?			2	106	?		?	?	↘			X	1
TOTAL	17	21	19	10	6	2	0	1	76	TOTAL	14	13	11	10	4	2	4	5	63

X : ramet présent et récolté

O : ramet non fructifié ou non récoltable en 1997

↘ : ramet exclu (identification génétique fausse)

Vide : ramet absent ou mort

* : portet représenté par au moins 3 ramets dans la récolte 1997

? : donnée manquante

Tableau 2 : Etat de la récolte 1997 de graines des clones de Teck du Verger à graines de la Sangoué

On a reproduit, pour chacun des lots, un fruit particulièrement représentatif, en forme et en taille, de l'ensemble du lot. Sur ce fruit ont été mesurées la longueur, la largeur et la longueur de plus grande largeur (l'long, cf figure 3). Cette dernière mesure n'a pas pu être effectuée sur tous les fruits mesurés par ailleurs par manque de temps.

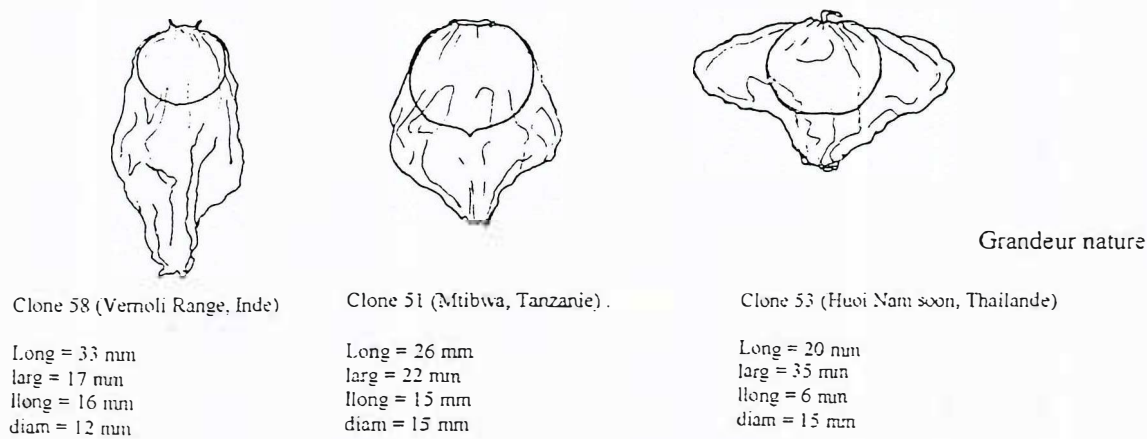


figure 3 : exemples de mesures effectuées sur les fruits de Teck

On a déterminé la couleur de l'enveloppe des fruits généralement très homogène pour l'ensemble d'un lot. Pour diminuer les risques d'erreur dus à la subjectivité de la notation, un seul observateur a réalisé les observations. Les couleurs ont été codifiées selon la grille suivante :



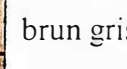

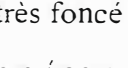
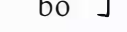
couleur		code	regroupement
	gris / gris clair	g	famille des gris
	ocre gris	og	
	brun gris	bg	
	brun	b	famille des bruns
	brun foncé / brun très foncé	bf	
	brun clair / brun ocre / ocre	bo	

figure 4 : codes-couleur appliqués à l'observation des fruits de Teck

Il faut remarquer que la couleur peut être influencée par l'état de maturation du fruit, son humidité, etc.. Ce critère, comme les autres, est pris *a priori*. Leur pertinence est discutée ultérieurement.

On a débarassé les fruits mesurés de leur enveloppe. On mesure alors de la même façon que pour l'enveloppe, le plus grand diamètre (en vue dorsale) de la drupe qui abrite les graines. On assimile par abus de langage la drupe et ce qu'elle contient à la *graine*.

Enfin, une série d'observations qualitatives a été menée sur les graines. Il faut noter qu'il s'agit d'observations ultérieures aux précédentes. L'opération de séchage et de désaillage s'est effectuée entre les deux séries en vue du stockage rapide des graines en chambre froide. Dans la mesure où l'on n'étudie pas particulièrement les corrélations entre caractères de la graine et caractères du fruit correspondant, ce décalage ne pose pas de problèmes particulier. Sur un échantillon aléatoire de 20 graines, on a noté la régularité de la forme générale, la forme de l'extrémité des graines (caractère pointu, plat ou invaginé) et leur aspect (poilu ou non) (cf figure 5). On a attribué une note 0,1 ou 2 lorsque le caractère correspondant était présent dans plus de 50% des graines observées.(cf figure 5)

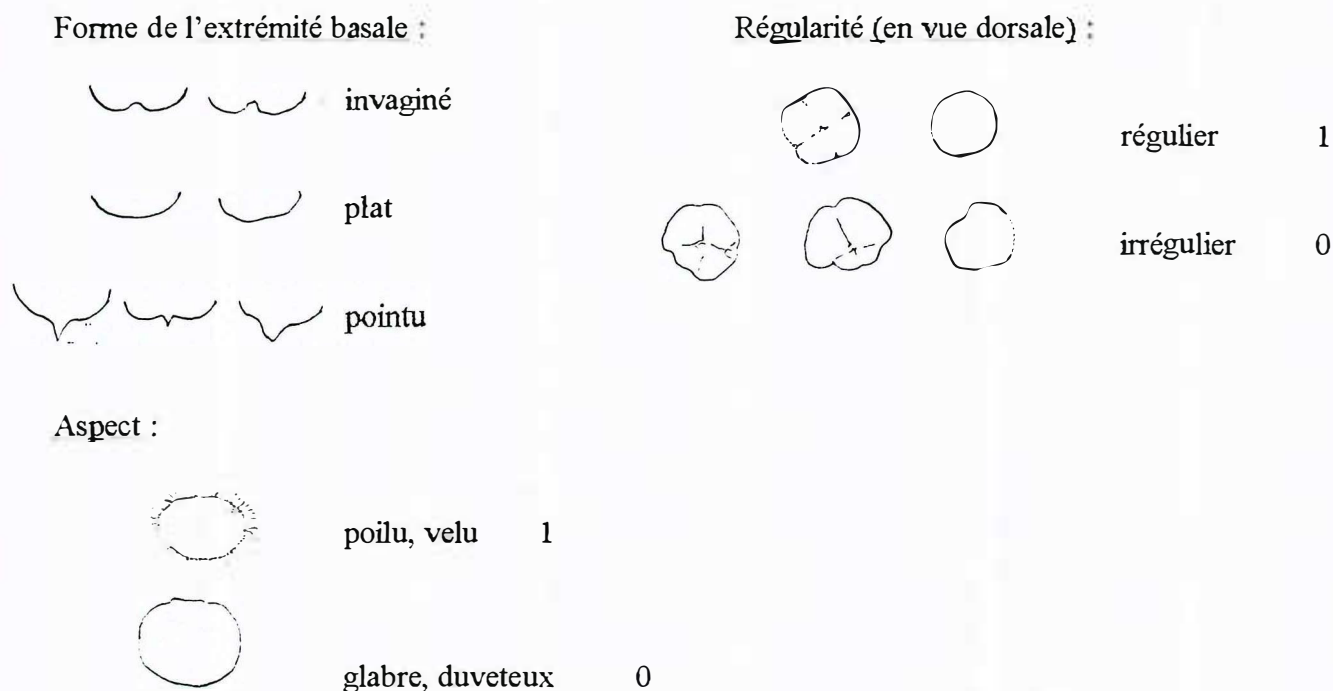


figure 5 : Critères qualitatifs et notation sur les graines

I.4. Critères calculés

Six critères ont été calculés à partir des mesures effectuées. Ils sont indépendants du facteur taille (sauf R6).

$$R1 = \text{long} / \text{larg}$$

$$R2 = \text{llong} / \text{larg}$$

$$R3 = \text{llong} / \text{long}$$

$$R4 = \text{long} / \text{diam}$$

$$R5 = \text{larg} / \text{diam}$$

$$R6 = \text{long} \times \text{larg}$$

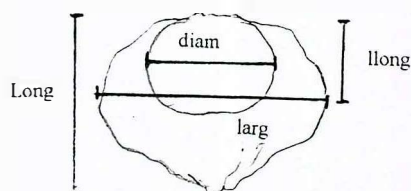


Tableau3 : Rééquilibrage du dispositif expérimental

Dispositif	Nbre Blocs	Nbre Clones	Variable	Effet bloc	Effet clone
- Tous les clones -Tous les blocs 2780 observations	8	59	long larg diam R1 R4 R5	+++ +++ +++ +++ +++ ++	+++ +++ +++ +++ +++ +++
-Clones représentés plus de 2 fois -Tous les blocs 2550 observations	8	48	long larg diam R1 R4 R5	+++ +++ +++ +++ +++ ++	+++ +++ +++ +++ +++ +++
-Clones représentés plus de 3 fois -Tous les blocs 1500 observations	7	23	long larg diam R1 R4 R5	n s +++ +++ +++ +++ +++	+++ +++ +++ +++ +++ +++
-Tous les clones -5 premiers blocs 2510 observations	5	57	long larg diam R1 R4 R5	++ +++ +++ +++ n s +++	+++ +++ +++ +++ +++ +++
-Tous les clones -4 premiers blocs 2290 observations	4	54	long larg diam R1 R4 R5	+++ +++ +++ ++ n s +++	+++ +++ +++ +++ +++ +++
-Clones représentés plus de 2 fois -4 premiers blocs 2110 observations	4	45	long larg diam R1 R4 R5	+++ +++ +++ ++ n s +++	+++ +++ +++ +++ +++ +++
-Clones représentés plus de 3 fois -4 premiers blocs 1360 observations	4	22	long larg diam R1 R4 R5	n s n s ++ n s n s n s	+++ +++ +++ +++ +++ +++
-Clones représentés plus de 3 fois -5 premiers blocs 1440 observations	5	23	long larg diam R1 R4 R5	n s +++ ++ ++ n s ++	+++ +++ +++ +++ +++ +++

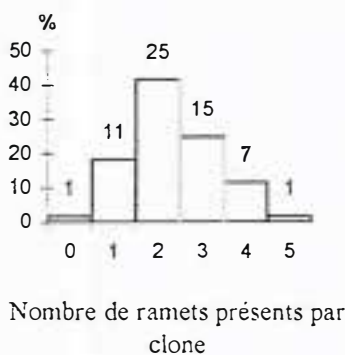
+++ effet significatif à 0,1 % ++: effet significatif à 1 % +: effet significatif à 5 % n s : effet non significatif

I.5. Traitement statistique des données

I.5.1. Analyses de variance

Des analyses de variance ont été effectuées sur tous les critères quantitatifs et les critères calculés à l'exception de llong et des critères dépendants R2 et R3. Llong étant une valeur moyenne par lot *non observée* au niveau de chaque individu, il s'avère ne pas avoir de valeur statistique pour les ANOVA. On en tiendra par conséquent pas compte dans les résultats. Par ailleurs, le dispositif est fortement déséquilibré aussi bien par la représentation de chaque clone (de 1 à 5 ramets) que par leur répartition parmi les blocs (cf figure 4.a et figure 4.b).

Distribution du nombre de clones récoltés en 1997 en fonction de leur répétition



Distribution du nombre de clones par bloc

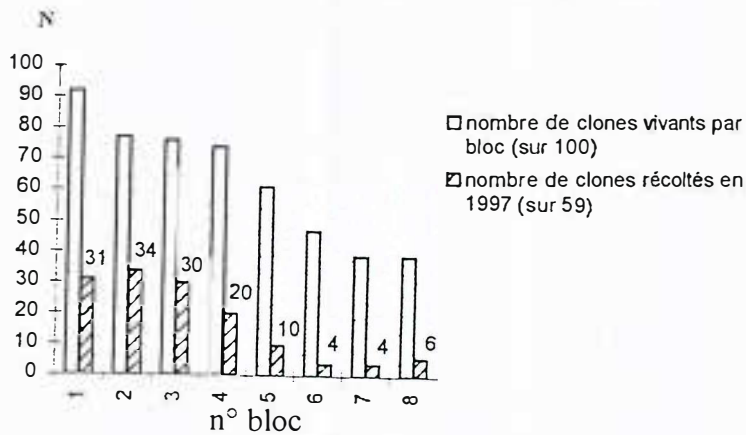


Figure 4.a. Distribution du nombre de clones récoltés en 1997 en fonction de leur répétition

figure 4.b. Distribution du nombre de clones par bloc

remarque : la colonne 0 de la figure 4.a représente le clone 22 prévu pour la récolte 1997 mais qui s'est avéré non récoltable

On a tenté de rééquilibrer le dispositif (cf I.2) de plusieurs façons en réduisant le nombre de clones comme le nombre de blocs considérés. Les résultats les plus satisfaisants sont obtenus avec un dispositif prenant en compte les 4 premiers blocs et les clones représentés au moins 3 fois (cf Tableau 3). Quoiqu'il en soit, pour avoir la représentation la plus large possible, on effectue aussi l'analyse de variance sur le dispositif : tous clones, 4 premiers blocs, tout en sachant que ce dispositif n'est pas totalement rééquilibré. L'appréciation de la valeur génétique des critères est dans ce cadre approximative et en toute rigueur incorrecte.

I.5.2. Analyses en Composantes Principales

Les analyses en composantes principales ont été faites sur l'ensemble des clones entre les variables quantitatives. Elles ont un intérêt avant tout descriptif; les composantes principales calculées étant non corrélées contrairement aux variables initiales, le traitement est plus facile. Certaines variables peuvent même être négligées au regard de leur faible niveau explicatif. L'interprétation graphique permet d'agréger des observations en groupes homogènes.

Tableau 4.a : Variabilité morphologique sur données brutes (dispositif 4 premiers blocs, clones représentés au moins 3 fois)

longueur			largeur			diamètre		
clone	SNK	long moy	clone	SNK	larg moy	clone	SNK	diammoy
7	a	33.75	16	a	27.80	34	a	18.47
45	b	27.25	1	b	26.63	1	b	17.90
48	c	22.38	10	b	26.53	16	bc	17.77
57	cd	21.78	32	bc	25.95	57	bc	17.46
80	cd	21.68	55	bcd	25.81	48	bc	17.43
66	cd	21.60	15	bcd	25.66	55	bc	17.40
27	cde	20.96	57	bcd	25.51	10	bc	17.38
28	de	20.80	48	bcde	24.93	66	bc	17.36
1	de	20.72	60	cde	24.88	15	c	17.01
16	ef	19.80	27	cde	24.38	101	d	16.27
17	f	19.25	8	de	24.35	60	d	16.25
8	f	19.15	101	def	23.62	80	de	16.01
4	g	17.90	28	def	23.56	17	def	15.83
60	g	17.71	3	efg	23.48	32	def	15.60
34	g	17.63	66	fgh	23.26	27	ef	15.41
15	g	17.55	49	fgh	22.80	28	ef	15.40
10	g	17.38	34	gh	22.68	3	fg	15.21
101	g	17.05	4	gh	22.36	49	g	15.16
32	g	16.85	17	h	21.87	4	g	14.65
55	g	16.43	80		20.78	7	h	12.76
3	g	16.33	7		18.52	8	h	12.72
49	h	14.93	45		17.75	45	h	12.46

Tableau 4.b : Variabilité morphologique sur critères calculés (dispositif 4 premiers blocs, clones représentés au moins 3 fois)

R1 = long / larg			R4 = long / diam			R5 = larg / diam		
clone	SNK	R1	clone	SNK	R4	clone	SNK	R5
7	a	1.835	7	a	2.655	8	a	1.935
45	b	1.553	45	b	2.194	32	b	1.667
80	c	1.047	8	c	1.521	27	c	1.598
66	d	0.934	27	d	1.378	16	cd	1.570
48	de	0.912	28	de	1.358	3	cde	1.552
28	de	0.889	80	de	1.356	60	cde	1.541
17	e	0.887	48	ef	1.288	28	cdef	1.536
27	ef	0.866	57	f	1.257	10	cdef	1.535
57	ef	0.856	66	fg	1.245	4	cdef	1.530
4	fg	0.807	4	fg	1.226	15	cdef	1.511
8	g	0.792	17	fg	1.219	49	cdef	1.508
1	gh	0.783	1	gh	1.160	55	def	1.492
34	h	0.782	16	hi	1.114	1	def	1.490
101	hi	0.726	60	hij	1.094	57	def	1.469
60	hi	0.720	32	hijk	1.083	7	efg	1.460
16	ij	0.711	3	hijk	1.078	101	efg	1.454
3	ij	0.697	101	ijkl	1.049	48	fg	1.432
15	ij	0.686	15	ijklm	1.032	45	fg	1.431
49	ij	0.659	10	klm	1.004	17	gh	1.387
10	ij	0.658	49	klm	0.990	66	hi	1.343
32	ij	0.653	34	lm	0.955	80		1.300
55	j	0.643	55	m	0.947	34		1.229

I.5.3. Analyses Factorielles

L'analyse factorielle a été introduite ici pour analyser les données qualitatives catégorielles (caractères de forme des graines) sur le même principe que les analyses en composantes principales. La méthode choisie est celle des facteurs principaux. Elle calcule des facteurs discriminants à partir des variables initiales et étudie les corrélations entre ces variables (Dagnélie, 1977).

I.6. Outils informatiques de traitement des données

Les données ont été traitées essentiellement par le logiciel SAAS version 6.10. Les analyses de variance sont réalisées avec la procédure glm option random, les analyses en composantes principales avec la procédure princomp et les analyses factorielles avec la procédure factor. Le programme SAS est présenté en annexe 8.

2. Résultats

2.1. Résultats des analyses de variance

L'utilisation de l'long étant fautive pour les ANOVA (cf I.4.1), on n'a pas pris en compte ce critère dans les calculs. Les résultats sont présentés dans le tableau 4 pour le premier dispositif retenu (clones >3 ramets récoltés / 4 premiers blocs) et l'annexe 3 pour le deuxième dispositif (tous clones / 4 premiers blocs). Les tableaux d'ANOVA sont en annexe 4.

2.1.1. Première série d'analyses (4 blocs; clones>3 ramets)

Ces analyses se basent sur un ensemble réduit de 1360 observations regroupant 22 clones et 10 provenances. Le principal avantage de ce dispositif est de diminuer la variance due à l'effet bloc (non significatif pour 5 critères sur 6) et, étant partiellement rééquilibré, d'effectuer des comparaisons sur l'effet clone donc sur l'effet génétique. On a réalisé des tests Student-Newman-Keuls pour la comparaison des moyennes.

L'analyse montre un effet clone très significatif pour toutes les variables considérées, alors que l'effet bloc n'est significatif que pour la variable diamètre ($F_{obs}=4,12^{**}$). Par ailleurs, sur les tests SNK, on voit que des clones et des groupes homogènes de clones se détachent nettement des autres pour les valeurs moyennes extrêmes des caractères. Les valeurs intermédiaires constituent un ou plusieurs ensembles pour lesquels les différences ne sont pas significatives.

On remarque que certains clones présentent des affinités indépendamment du critère mesuré ; il s'agit des clones 7 (Djibelor.Sénégal) et 45 (Vernoli Range, Inde) qui ont des similitudes de forme de fruit (en 'torche') comme de taille de graines. D'autres rapprochements peuvent être faits, souvent moins nets cependant. On note que les clones 27 et 28 (Mtibwa, Tanzanie) ont des caractéristiques presque identiques. C'est la même chose pour les couples de clones 48, 57 et 1, 16 (Nellicutha, Inde). On ne peut pas différencier statistiquement les clones des provenances indiennes Nellicutha et Nilambur. Leur proximité géographique et écologique (cf tableau 1) nous amènera à les regrouper en une seule région homogène pour les analyses en composantes principales. On en fera de même pour d'autres régions homogènes.

Notons que les provenances Nellicutha et Nilambur semblent globalement caractérisées par de grosses graines ($\varnothing > 17$ mm) alors que les provenances tanzaniennes et thaïlandaises présentent des graines de taille moyenne ($13 \text{ mm} < \varnothing < 17 \text{ mm}$). Les origines thaïlandaises ne se distinguent des tanzaniennes que par la forme du fruit plus ramassée (en 'soucoupe', $R1 < 0,80$).

Les ANOVA réalisées sur R4 et R5 n'amènent pas d'éléments nouveaux.

2.1.2. Etablissement d'un clé de détermination partielle et provisoire

En résumé, les indications obtenues par cette première série d'analyse sont représentées sur la figure 5.

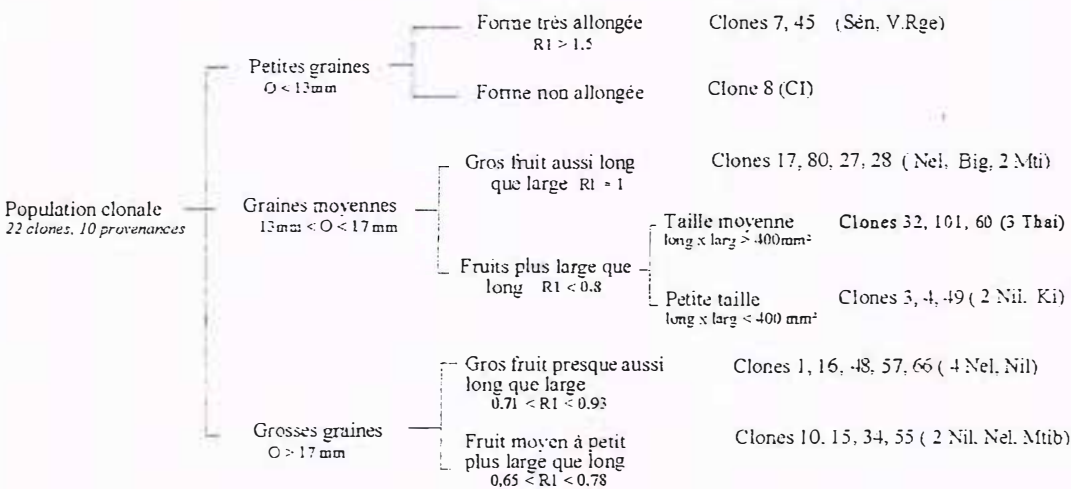


figure 5 : clé de détermination sur critères quantitatifs, 22 clones. 10 provenances

On remarque que la ségrégation des clones semble globalement satisfaisante . Les provenances thaïlandaises (Ban Phan Lay, Mae Huat et Huoi Nam Soon; clones 32, 101, 60) sont regroupées ainsi que les provenances tanzaniennes (Bigwa, Mtibwa; clones 27, 28, 80). On ne peut cependant pas encore tirer de conclusions à ce niveau.

2.1.3. Deuxième série d'analyses (4 blocs; tous clones)

Le fait de considérer tous les clones (en fait 54, à cause de la restriction des blocs) inégalement représentés introduit un déséquilibre dans le dispositif qui se traduit par un effet bloc significatif pour la plupart des variables. L'effet clone est très significatif pour toutes les variables. Quoiqu'il en soit, il est intéressant d'étudier les caractéristiques d'un maximum de clones et de tenter de les replacer dans une classification, à titre indicatif.

Les séparations selon le test Student-Newman-Keuls sont ici beaucoup plus confuses que pour le dispositif précédent. Les différences de moyennes très faibles étirent les groupes homogènes qui se chevauchent largement (cf annexe3,4). Les différences clonales sont d'autant moins significatives qu'elles se situent largement en dessous du seuil du degré de confiance pour les échantillons considérés (cf annexe 5).

On ne peut pas établir de commentaires tranchés au niveau provenance sur l'examen des tests SNK, car les exceptions sont nombreuses. Cependant on peut noter des tendances qui seront

confirmées ou infirmées par les ACP. Le diamètre des graines semble être le plus discriminant des caractères. Les graines de provenances indiennes sont en règle générale grosses ($O > 17\text{mm}$) alors que celles provenant de Thaïlande-Laos et d’Afrique sont moyennes à petites ($O < 17\text{mm}$). Il est possible que les provenances thaïlandaises et tanzaniennes soient apparentées. Enfin, la grande majorité des provenances indiennes (Massale Valley, Mellicutha, Nilambur) présentent des fruits de forme courte et élargie, mais de toute taille.

2.1.4. Calcul des variances phénotypiques et génotypiques

La variance génotypique apporte des indications sur la valeur génétique des critères utilisés. Elle a été calculé pour le dispositif le plus équilibré (4 premiers blocs, clones ayant au moins trois ramets) à partir des analyses de variance en considérant le seul effet clone. On obtient les résultats du tableau 5.

Tableau 5. Variances génétiques, résiduelles et phénotypiques et héritabilité pour les critères quantitatifs (dispositif 4 premiers blocs, clones ayant au moins trois ramets)

	σ_G^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
long	1.3995	8.4615	9.8610	0.14
larg	6.3757	7.7113	14.0870	0.45
diam	9.0718	1.9428	11.0146	0.82
R1	0.0957	0.0189	0.1146	0.84
R4	0.1891	0.0351	0.2242	0.84
R5	0.0159	0.0305	0.0464	0.34

Le diamètre semble être le critère dont la valeur génétique est la plus intéressante avec les deux rapports R1 et R4.

2.2. Résultats des Analyses en Composantes Principales (ACP)

Deux séries d’ACP ont été menées sur les différentes variables continues, les mesures directes d’une part et les rapports calculés d’autre part.

2.2.1. Etude des corrélations

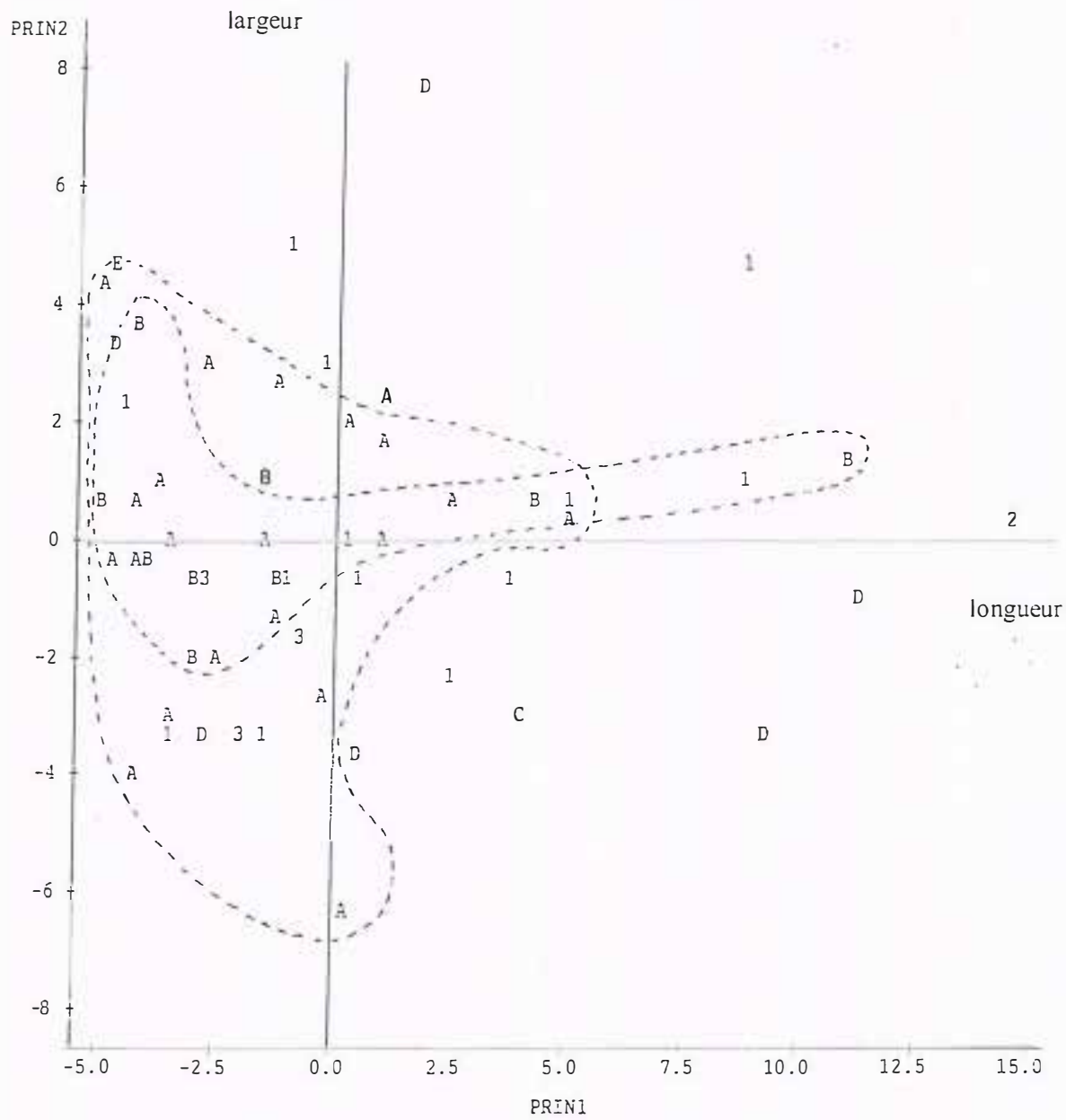
2.2.1.1. Matrice de corrélation entre les variables

Tableau 6 : Coefficients de corrélation entre variables

	diam	long	larg	poil	punt	reg
diam	1,000	-0,058	0,499	0,117	0,233	-0,271
long		1,000	-0,137	-0,209	-0,142	0,265
larg			1,000	0,046	0,205	-0,094
poil				1,000	0,125	-0,434
punt					1,000	-0,416
reg						1,000

Comme le montre le tableau 6, les variables sont peu corrélées entre elles. Toutefois, on voit que le diamètre des graines est naturellement lié à la largeur du fruit.

Figure 5 : Analyse en Composantes Principales (axe1 x axe2)



- | | | |
|-------------------|------|--|
| A = Inde humide | prov | Nellicutha, Nilambur, Masale Valley |
| B = Thaïlande | prov | Mae huat, Pong Salee, Ban Pha Lay, Huoi Nam Soon |
| C = Laos | prov | Pak Lay East |
| D = Inde sèche 1 | prov | Vernoli Range |
| E = Inde sèche 2 | prov | Purukanote |
| 1 = Tanzanie | prov | Mtibwa, Kihuwi, Bigwa |
| 2 = Sénégal | prov | Djibelor |
| 3 = Côte d'Ivoire | prov | Bamoro, Kokondékro |

2.2.1.2. relations entre les variables et les axes principaux

Tableau 7 : Matrice de corrélation entre variables et axes principaux

* ACP sur long, larg, diam				* ACP sur R1, R4, R5			
	PRIN 1	PRIN 2	PRIN 3		PRIN 1	PRIN 2	PRIN 3
long	0,884	0,466	0,029	R1	0,586	-0,307	0,749
larg	- 0,435	0,840	-0,323	R4	0,808	0,278	-0,518
diam	- 0,167	0,277	0,946	R5	- 0,049	0,910	0,411

Tableau 8 : axes principaux et part d'explication de la variance totale

* ACP sur long, larg, diam				* ACP sur R1, R4, R5			
	PRIN1	PRIN2	PRIN3		PRIN1	PRIN2	PRIN3
%	69,7	23,2	7,1	%	82,9	17,0	0,1
% cumulé	69,7	92,9	100	% cumulé	82,9	99,9	100

Pour la première série d'ACP, les axes principaux sont corrélés de façon très nette aux différentes variables considérées (cf annexe 6). L'axe 1 est spécifiquement lié à la longueur (0,884), l'axe 2 lié à la largeur (0,840), l'axe 3 au diamètre (0,946).

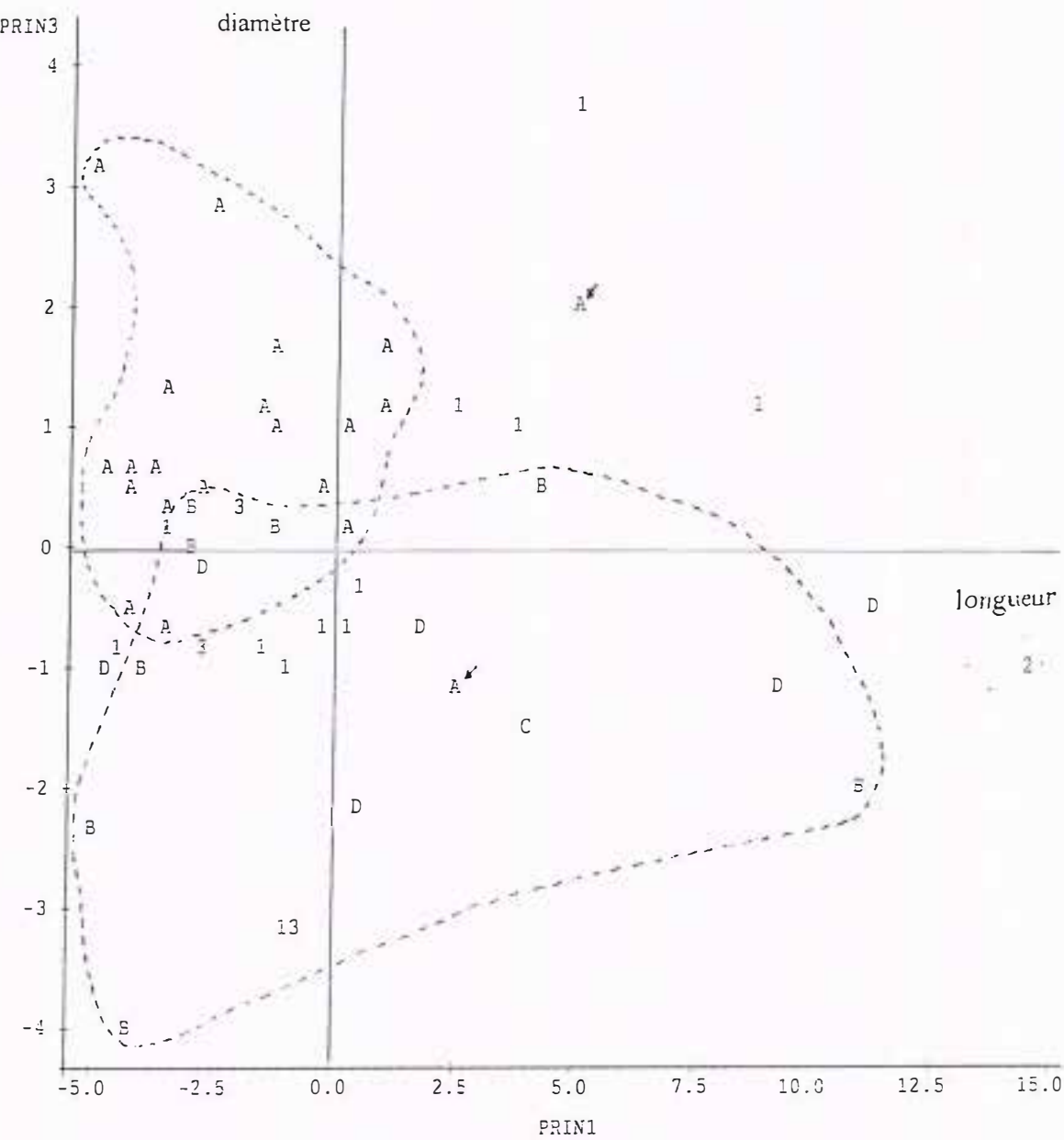
Pour la seconde série d'ACP, les axes principaux sont moins exclusivement liés aux variables choisies. L'axe 1 est lié à R1 (0,58) et R4 (0,80), l'axe 2 à R5 (0,91). L'axe 3 est lié aux trois variables. Les axes 1 et 2 expliquent à eux seuls 99,9 % de la variance. Par conséquent, on s'intéresse à la représentation selon les deux premiers axes. Les rapports R2 et R3 ne sont pas retenus pour les mêmes raisons que pour les ANOVA. Quant à R6 , lorsqu'on en tient compte dans l'ACP avec R1, R4 et R5, il explique à 99,9 % l'axe 1 et représente 99 % de la variance totale. Or, R6 est un produit, il ne peut être mis sur le même plan que les autres Ri qui sont des rapports.

2.2.2. Représentation des clones dans le système d'axes

Comme il s'avère difficile voire impossible de séparer nettement les observations au niveau clonal ou au niveau provenances, on choisit de regrouper les provenances proches au niveau géographique et écologique sur un niveau régional.

régions	provenances	code ACP
Inde humide	a, b, n	A
Thaïlande	h, j, k, p	B
Laos	o	C
Inde sèche	i	D
Inde sèche	q	E
Tanzanie	c, g, l	1
Sénégal	e	2
Côte d'Ivoire	f, d	3

Figure 6 : Analyse en Composantes Principales (axe1 x axe3)



- | | | |
|-------------------|------|--|
| A = Inde humide | prov | Nellicutha, Nilambur, Masale Valley |
| B = Thaïlande | prov | Mae huat, Pong Salee, Ban Pha Lay, Huei Nam Soon |
| C = Laos | prov | Pak Lay East |
| D = Inde sèche 1 | prov | Vernoli Range |
| E = Inde sèche 2 | prov | Purukanote |
| 1 = Tanzanie | prov | Mtibwa, Kihuvvi, Bigwa |
| 2 = Sénégal | prov | Djibelor |
| 3 = Côte d'Ivoire | prov | Bamoro, Kokondékro |

* ACP sur long, larg, diam

Bien que l'axe 1 et 2 expliquent 92,9 % de la variance, la représentation des régions de provenances est plus intéressante sur les axes 1 et 3. On retient comme critères les plus discriminants la longueur et le diamètre. Malgré tout, ces seules variables ne suffisent pas à distinguer des groupes clonaux suffisamment distincts.

* ACP sur R1, R4, R5

On obtient pour la région A (Nellicutha, Nilambur, Masale Valley) des points moins dispersés que dans l'ACP sur longueur, largeur et diamètre. La représentation de la région B (Thaïlande) est beaucoup plus lâche, ce qui traduit en fait une plus grande hétérogénéité des provenances thaïlandaises qu'on ne l'avait escompté. La région C (Laos) est incluse dans le groupe précédent. On aurait pu considérer les deux régions comme un seul ensemble régional. Les provenances africaines ne forment pas des groupes remarquables. On ne peut pas mettre en évidence d'éventuelles similitudes avec les provenances asiatiques à ce niveau.

Les clones d'une même région se répartissent souvent dans les mêmes parties du plan, bien que les groupes résultants s'individualisent toujours assez mal les uns des autres.

2.2.3. Conclusion

Les seuls critères quantitatifs (mesurés ou calculés) ne sont pas suffisamment discriminants pour établir une clé de détermination pour les 54 clones considérés. Les Analyses en Composantes Principales n'apportent malheureusement pas de ségrégation plus efficace que les ANOVA. Pourtant, elles montrent l'importance relative des critères et permettent au bout du compte d'en retenir les plus explicatifs afin de croiser leur apport à celui des critères qualitatifs.

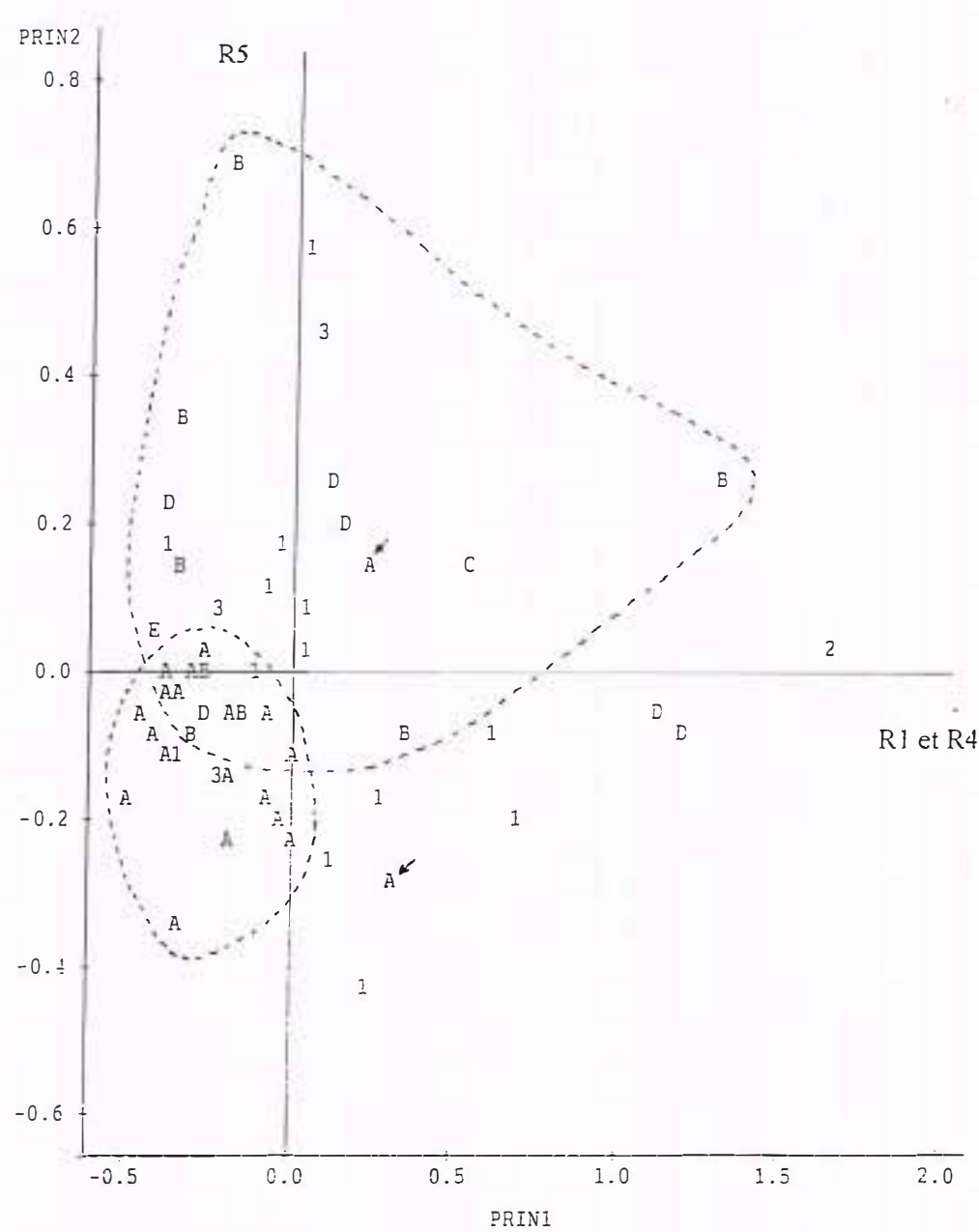
2.3. Résultats des Analyses Factorielles (AFP)

Pour l'analyse factorielle selon la méthode des facteurs principaux (AFP), il a fallu décomposer les variables initiales (cf p.6 et 7) en variables simples, binaires (prenant la valeur 1 si le caractère est présent, sinon 0) pour ne pas perdre d'information et pour la lisibilité des résultats. Le tableau de contingence résultant a servi de base à l'analyse factorielle.

Tableau 9 : Corrélations entre facteurs principaux et variables

	factor 1	factor 2	factor 3	factor 4	factor 5
punt	0.135	- 0.707	- 0.273	- 0.167	- 0.041
pla	0.584	0.633	0.074	- 0.123	0.016
inv	- 0.760	0.013	0.191	0.302	0.025
poil	- 0.430	0.382	- 0.245	- 0.122	- 0.091
reg	0.647	- 0.102	0.088	0.189	0.049
g	- 0.138	0.001	0.135	0.001	0.313
og	- 0.260	0.014	0.119	0.177	0.084
bg	- 0.285	0.029	0.002	- 0.534	- 0.122
bo	0.155	0.118	- 0.651	0.299	- 0.090
b	0.204	- 0.108	0.480	0.097	- 0.438
bf	0.203	- 0.091	0.141	- 0.114	0.384

Figure 7 : Analyse en Composantes Principales (axe 1 x axe2)



- | | | |
|-------------------|------|--|
| A = Inde humide | prov | Nellicutha, Nilambur, Masale Valley |
| B = Thaïlande | prov | Mae huat, Pong Salee, Ban Pha Lay, Huoi Nam Soon |
| C = Laos | prov | Pak Lay East |
| D = Inde sèche 1 | prov | Vernoli Range |
| E = Inde sèche 2 | prov | Purukanote |
| 1 = Tanzanie | prov | Mtibwa, Kihuwi, Bigwa |
| 2 = Sénégal | prov | Djibelor |
| 3 = Côte d'Ivoire | prov | Bamoro, Kokondékro |

Tableau 10 : facteurs pricipaux et part d’explication de la variance totale

	factor 1	factor 2	factor 3	factor 4	facteur 5
%	40.9	24.6	20.1	13.8	0.6
% cumulé	40.9	65.5	85.6	99.4	100

Les variables de couleur se trouvent relativement centrées, elles n’expliquent pas bien les différences entre les clones. On remarque cependant que le regroupement des gris et des bruns se justifie (cf annexe 9). L’axe 1 est corrélé positivement aux critères “regulier” et “plat” et négativement aux critères “poilu” et “invaginé”. L’axe 2 est corrélé positivement aux critères “plat” et “poilu”, et négativement au critère “pointu” (cf. Tableau 9). L’axe 3, lui, est corrélé positivement à la couleur “brun”, et négativement à la couleur “brun ocre”.

Les critères les plus discriminants sont les critères de forme et d’aspect. On voit que ce sont des critères importants dont il faut tenir compte pour déterminer des différences entre les provenances.

2.4. Clé de détermination définitive

2.4.1. Méthode

Pour établir une clé de détermination complète, on intègre les résultats des ACP et des AFP. Toutes les variables sont contingentées dans un tableau (cf annexe 9). On est revenu aux variables de départ, sauf pour la couleur, en la codant cette fois-ci selon deux classes: 0 pour les bruns, 1 pour les gris. On a réalisé ensuite des tris successifs selon les variables qui se sont avérés être les plus discriminantes. On a retenu l’ordre dichotomique le plus satisfaisant vis-à-vis des clones, des provenances et des groupes de provenances. Le tableau, ainsi remanié fournit une clé de détermination brute.

On a retiré la région C (Laos) car trop peu représentée (1 seul ramet récolté, clone 94, prov Pak Lay east) au regard des autres régions. De la même façon, la région E (Inde sèche, Purukanote) a été exclue de la clé. Elle est représenté par deux clones, un seul ramet par clone récolté et les résultats pour ces deux clones sont divergents.

Plusieurs exceptions sont présentes. Le clone 75 (Région A, prov Nellicutha) est vraiment atypique. C’est le seul clone de la région A (24 clones) qui ait des graines glabres et une enveloppe grise. A l’inverse, le clone 32 (région B) présente des graines poilues alors que tous les autres clones de la région sont glabres ou duveteux. Enfin, les clones 3 et 92 se distinguent des autres clones de la région A par des graines de taille moyenne et la couleur grise.

De plus, la ségrégation clonale selon le diamètre (variable continue) a imposé des *bornes* aux différentes classes. On doit considérer un intervalle de confiance autour de la valeur limite à l’intérieur duquel un clone peut aussi bien appartenir à l’un ou à l’autre groupe (cf annexe 5). Aussi, on a toléré une marge d’erreur au risque $\alpha=0.05$ pour les clones: 23, région D, 74 région A, 76 région B en position limite pour les replacer au sein d’un groupe plus homogène.

2.4.2. Résultats

On aboutit à une clé de détermination assez satisfaisante. Le critère poilu/non poilu utilisé comme première clé sépare nettement les provenances thaïlandaises des provenances indiennes. La deuxième clé, le diamètre des graines, déjà utilisée comme clé principale lors de la première

**Figure 8 : Clé de détermination définitive tous critères
54 clones, 15 provenances**

23

Population clonale
54 clones, 15 provenances

Graines poilues

$\varnothing > 17 \text{ mm}$

Inde humide : Nellicutha, Nilambur, Masale Valley
Clones 1, 2, 4, 5, 9, 13, 14, 16, 33, 34, 46, 48, 49, 55,
66, 74, 95

$\varnothing < 17 \text{ mm}$

Fruits bruns

Inde humide : Nellicutha, Nilambur, Masale Valley Clones
92, 3, 32
Inde sèche : Vernoli Range Clones 23, 24, 45, 58, 68, 77
Côte d'Ivoire : Bamoro, Kokondekro Clones 6, 8, 100
Sénégal : Djibelor Clone 7

Fruits gris

Inde humide : Nellicutha, Nilambur, Masale Valley
Clones 10, 15, 17, 57, 82

Graines non-
poilues

$\varnothing < 15 \text{ mm}$

Thaïlande : Ban Pha Lay, Pong Salce
Clones 76, 89, 106

$\varnothing > 15 \text{ mm}$

Tanzanie : Kihwi, Mtibwa, Bigwa
Clones 19, 27, 28, 35, 40, 44, 50, 51, 63, 64, 80, 93
Thaïlande : Huoi Nam Soon, Mae Huat
Clones 21, 26, 53, 60

détermination (cf p10) sépare un groupe de provenances thaïlandaises d'un autre groupe de provenances tanzaniennes et thaïlandaises(cf figure 8). D'un autre côté, la clé confirme que la majorité des provenances de l'Inde humide ont des graines de grande taille ($O > 17$ mm).

En définitive, les provenances africaines se rapprochent de certaines provenances de la zone d'origine. Ainsi, on peut rapprocher les provenances tanzaniennes des provenances thaïlandaises. Les provenances de Côte d'Ivoire semblent proches de la provenance Vernoli Range. C'est le cas aussi de la provenance sénégalaise Djibelor, qui se rapproche spécifiquement des clones 45 et 58 de Vernoli Range par un fruit remarquablement en forme de torche ($R1 > 1,5$). Ces résultats quant à la possible origine des provenances africaines sont en accord avec les hypothèses formulées par l'étude génétique des systèmes enzymatiques (Verhaegen, 1989).

La détermination du caractère poilu ou non poilu d'une graine est plus délicate qu'il n'y paraît. Les graines poilues (ou velues) ont des poils *significativement* longs alors que les graines qu'on a appelé glabres (ou duveteuses) sont en fait également couvertes de poils, mais très courts qui donnent un aspect velouté à la graine.

Enfin remarquons qu'on n'a pas tenu compte dans cette clé de particularités propres à certains clones qui ne se retrouvent pas forcément au niveau des provenances ou de la région. Par exemple, le clone 27, prov Mtibwa, Tanzanie présente des graines glabres, de couleur crème très claire et sont très pointues de façon caractéristique.

3. Discussion

3.1. Problèmes d'échantillonnage et traitement statistique des données

Cette étude basée en partie sur certaines mesures des fruits de Teck a permis de poser la question de l'échantillonnage à effectuer directement liée à la précision des mesures qu'on peut espérer atteindre et la *confiance* qu'on peut leur accorder. Ainsi, il est illusoire de penser pouvoir déceler à l'oeil nu par mesure directe des différences clonales de l'ordre de quelques centièmes de millimètre comme les Analyses de variances ont pu les calculer. L'importance des écarts-type, entre 1 et 3 mm environ (cf annexe 5) interdit de telles prétentions. Il s'agit donc d'adapter le niveau d'interprétation (provenances, régions de provenances) à des distinctions plus réalistes.

Par ailleurs, il est important de minimiser la marge d'erreur possible due au manipulateur en augmentant le nombre de mesures pour une meilleure précision. Cet échantillonnage est bien sûr dépendant du nombre de fruits disponibles dans les lots mais surtout du temps dont dispose le manipulateur. Le tout est de trouver le meilleur compromis entre les contraintes statistiques et les contraintes pratiques pour obtenir le maximum de fiabilité des chiffres. L'échantillonnage devrait être toujours réfléchi *au préalable* d'un plan d'expérience. Celui de cette étude de 20 observations par lot, choisi arbitrairement, convient bien finalement pour une précision de 0,5 à 1 mm. 30 ou 40 observations n'auraient pas significativement amélioré le degré de confiance des mesures. En revanche, cela aurait demandé le double de temps. Toutefois, doubler le nombre de mesures aurait sans doute beaucoup diminué les écart-types des moyennes.

Le fait de mesurer le critère longueur de plus grande largeur (l_{long}) sur un seul fruit par lot n'a pas permis qu'on puisse traiter les données sur le même plan que l'ensemble des mesures individuelles. En particulier avec les ANOVA, on n'a pas pu déterminer la valeur génétique de ce critère et on a dû laisser de côté ces mesures inexploitable.

Il faut enfin souligner que la structure du dispositif en blocs incomplets déséquilibrés a relativement gêné le traitement statistique des données. Les ANOVA ont été particulièrement limitées de ce fait. Les ACP et les AFP l'ont toutefois été moins.

3.2. Choix des critères

Il faut reconnaître que le choix des critères mesurés ou observés est arbitraire. Il ne se base sur aucune étude de comparaisons de fruits de Teck. Il est difficile de prévoir *a priori* la valeur discriminante ou génétique de tel ou tel critère relevé sur le fruit. Ce n'est qu'avec les analyses statistiques que ces valeurs sont déterminées. Ainsi, les critères de longueur ou de largeur de l'enveloppe (et les critères calculés R_i) s'avèrent avoir une faible valeur génétique. C'est aussi le cas des couleurs peu discriminantes. Alors, prendre un maximum de notes individuelles peut apparaître comme une solution pour arriver à trouver les bons critères par élimination. Là encore, la contrainte du temps s'impose.

3.3. Limites de l'étude

Une clé de détermination morphologique sur le seul examen des caractères individuels des fruits de Teck est nécessairement partielle. Elle devrait s'appuyer *aussi* sur des caractères végétatifs comme l'étude de N. Rouyrre sur la morphologie des feuilles de Teck a pu les mettre en évidence (Rouyrre, 1994). L'étude de la biologie florale (caractéristiques de la floraison, de la fructification, des périodes de fructification...) peut constituer un précieux apport à l'établissement de différences clonales.

La clé établie dans ce rapport n'est qu'indicative, dans l'optique de la constitution d'une clé plus complète. Elle n'a pas été vérifiée. Remarquons cependant qu'elle tend à confirmer les hypothèses des origines de teck introduites en Afrique.

Conclusion

L'étude consacrée à l'établissement d'une clé de détermination des différents clones du Verger à Graines de Teck de la Sangoué à partir de critères fruitiers donne des résultats satisfaisants bien que limités. Elle sépare 54 clones plus ou moins bien en plusieurs groupes de provenances et régions (groupes de provenances).

Elle permet de formuler l'hypothèse selon laquelle les provenances africaines seraient apparentées aux provenances thaïlandaises pour le cas de la Tanzanie, et à la provenance Vernoli Range, Inde pour le cas de la Côte d'Ivoire et du Sénégal.

Les différentes analyses effectuées sur les critères quantitatifs et qualitatifs ont mis en évidence les plus discriminants d'entre eux (caractère poilu, diamètre) mais sont peu intéressantes prises séparément. Elles illustrent également la difficulté de prendre des critères judicieux et de traiter les données au sein d'un dispositif déséquilibré.

Quoi qu'il est soit, la présente étude nécessairement partielle peut être avantageusement complétée par une étude sur la même population clonale concernant la physiologie des clones, leur floraison et leur fructification.

Bibliographie

Béhaghel I. 1993 : *Périodes de floraison et de fructification du Teck en Côte d'Ivoire. Station de la Sangoué.* IDEFOR-DFO, 5 p (document interne)

Birot Y. , Villeneuve A. 1970 : *Note sur la mise en place des essais comparatifs de provenances de Teck de la Séguié.* CTFT-CI (document interne)

Bonnet-Masimbert, 1971 : *Résultat d'une année d'observations sur la floraison, la ramification et l'élagage du Teck à la Séguié.* CTFT-CI, 16 p (document interne)

Dagnélie P. 1977. *Analyse statistique à plusieurs variables.* Presses agronomiques de Gembloux. 360 p

Delaunay J. Diabaté K., Tobge P. 1974: *Rapport sur la mise en place des essais internationaux de provenances de Teck à la Téné.* Côte d'Ivoire. CTFT-CI. 12 p. (Document interne)

Dupuis B. Verhaegen D. 1991 : *Le Teck (tectona grandis) en Côte d'Ivoire,* CTFT-CI. 16 p (document interne)

Gallais A. 1990 : *Théorie de la sélection en Amélioration des Plantes,* Collection Sciences agronomiques, éd. Masson (Paris), 588 p

Madéore C . 1995 : *Régime de reproduction et flux de gènes dans un verger à graines de Teck (Tectona grandis L.f) en Côte d'Ivoire.* Mémoire de fin d'études ingénieur ENSHV. CIRAD-Forêt. 51p

Rouyrre N. 1994 : *Etude de la morphologie des feuilles de différentes provenances de Teck (Tectona grandis).* IDEFOR DFO, 29 p.(document interne)

Souvannavong O. 1982 : *Mise en place d'un Verger à Graines de clones de Teck à la Sangoué.* CTFT-CI. 1p.(document interne)

Tangmitcharoen S., Owens J.N. 1997, *Floral biology, Pollination, Pistil Receptivity, and Pollen tube growth of Teak (Tectona grandis Linn f.)* , Annals of Botany 79 : pp 227-241

Verhaegen D. 1989 : *Note sur une analyse enzymatique par électrophorèse sur arbres “-” de Teck et de Samba.* CTFT-CI, 9 p. (Document interne)

Annexes

annexe 0 : Planches botaniques de Teck

annexe 1 : Cartes des provenances

annexe 2 : Plan du Verger à Graines

annexe 3 : Groupes SNK dispositif tous clones

annexe 4 : Tableaux d'ANOVA

annexe 5 : Calcul du nombre de mesures

annexe 6 : Cercle de correlation (ACP)

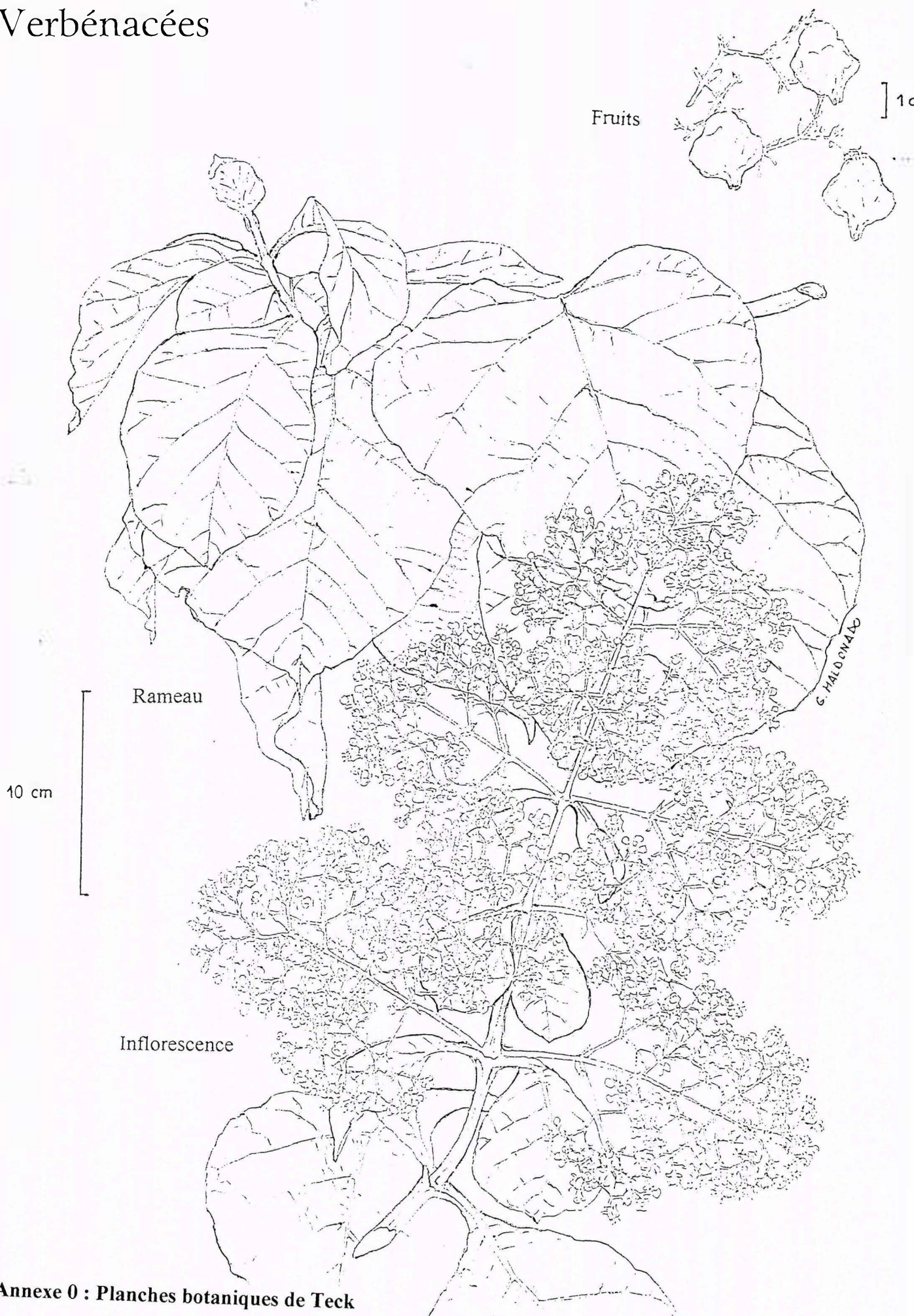
annexe 7 : Facteurs principaux (AFP)

annexe 8 : Programme SAS

annexe 9 : Tableau de contingence

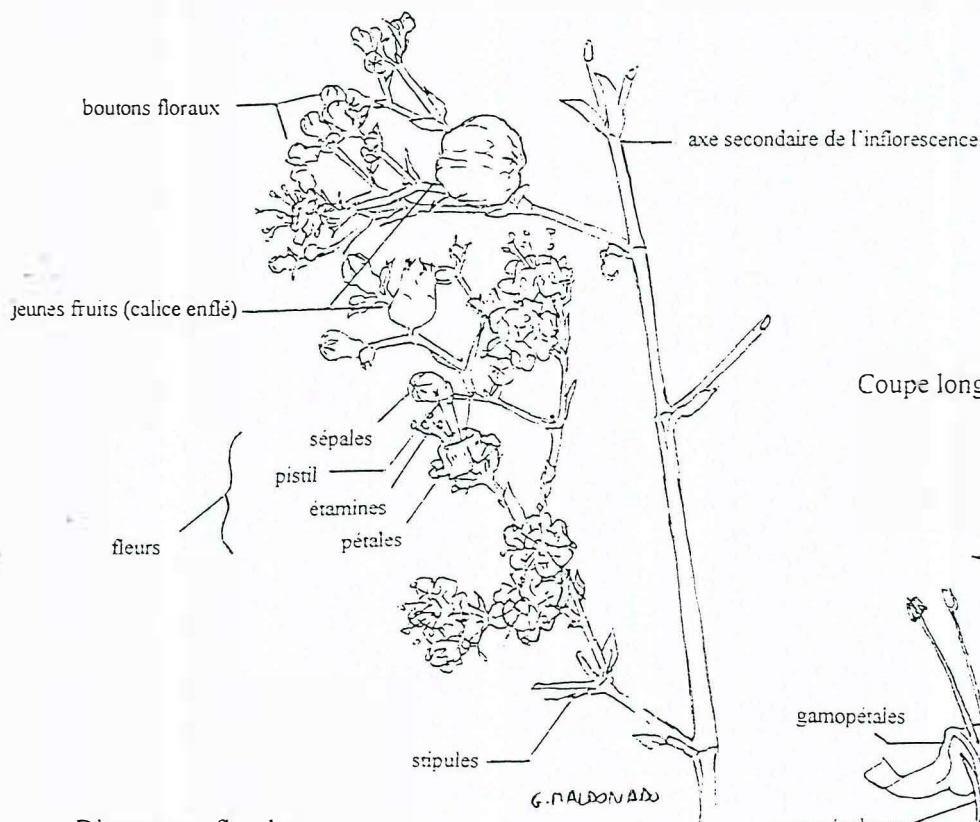
Teck *Tectona grandis* Linn f.

Verbénacées



Teck *Tectona Grandis* Linn f.
Verbénacées

Partie de rameau floral (x1,4)



Coupe longitudinale d'une fleur (x6)

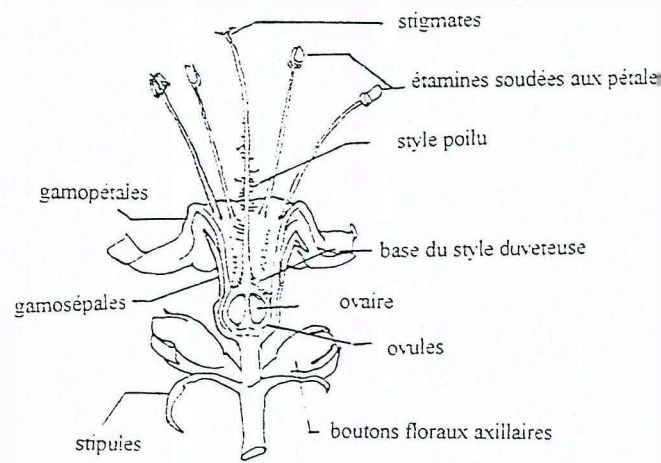
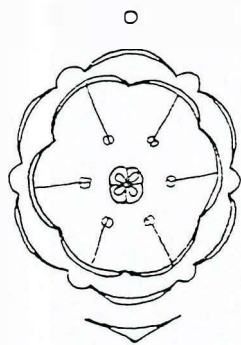


Diagramme floral



Formule florale

$(6S) \div (6P) + 6E \div 4C$

INDE

Purunakote

Virnoli Range

Masale Valley

Nilambur

Nellicutha

LAOS

Pong Salee

Mae Huat

Pak Lay East

Ban Cham Rui

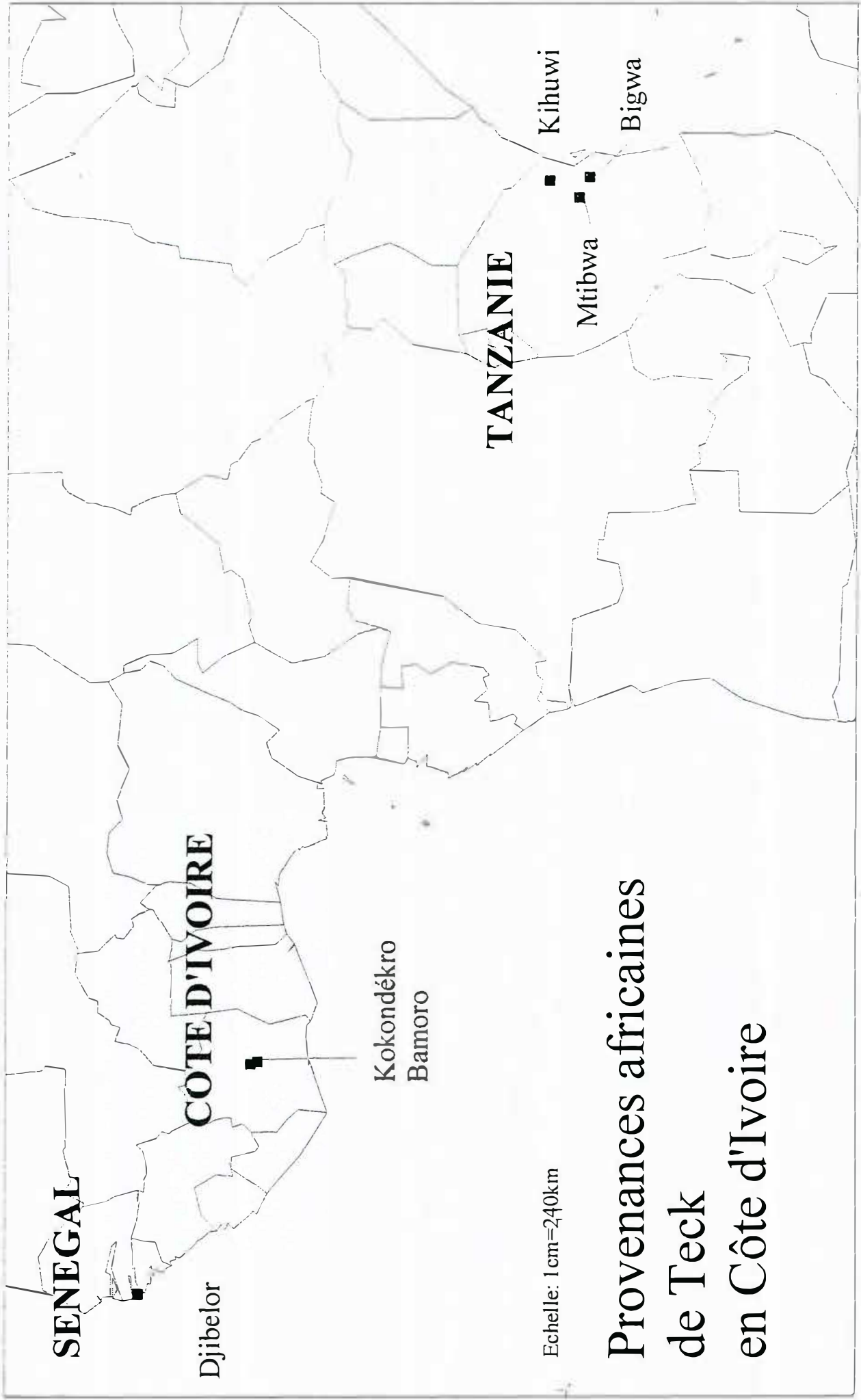
Huoi Na Soon

Ban Pha Lai

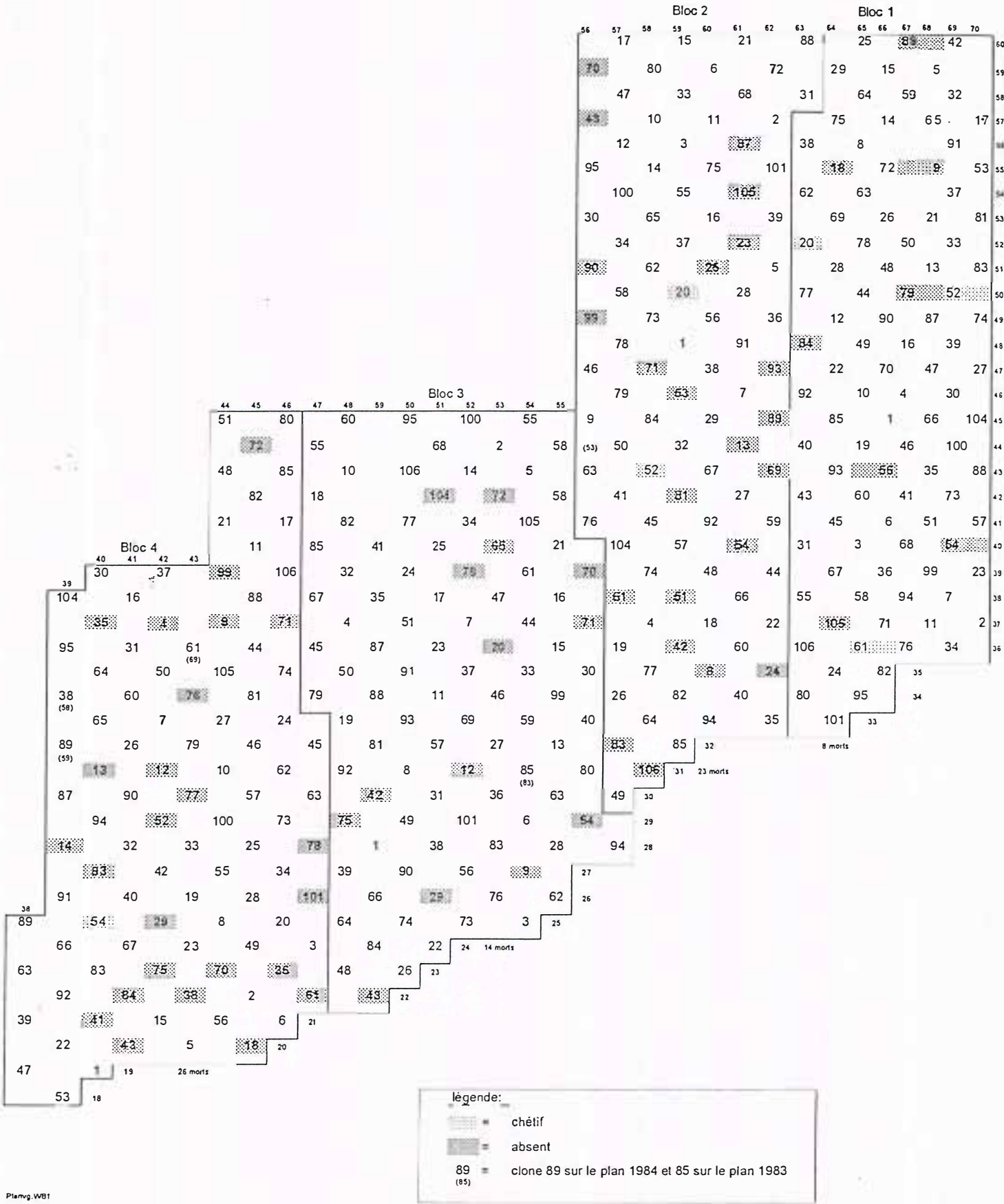
THAILANDE

Provenances asiatiques de Teck
introduites en Côte d'Ivoire

Echelle: 1cm=510.7km



Tranche 1982 : Bloc 1 à 4

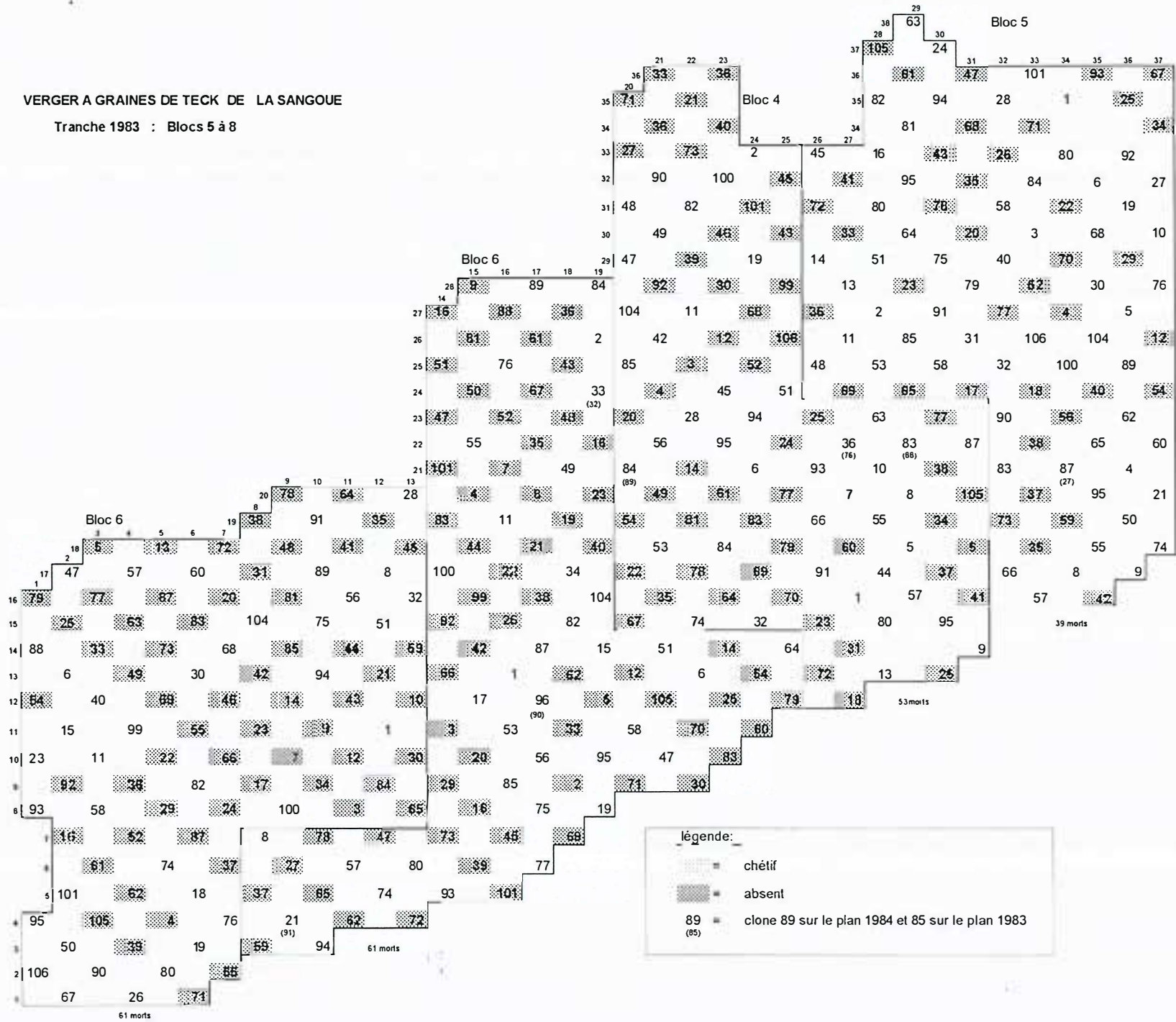


Annexe 2 : Plan du Verger à Graines

Annexe 2 (suite): Plan du Verger à Graines

VERGER A GRAINES DE TECK DE LA SANGOUÉ

Tranche 1983 : Blocs 5 à 8



Annexe 3.a : Variabilité morphologique sur variables mesurées (dispositif 4 premiers blocs, tous clones)

longueur			largeur			diamètre		
clone	SNK	long moy	clone	SNK	larg moy	clone	SNK	diammoy
7*	a	33.75	90	a	30.50	9	a	20.95
106	b	31.05	23	a	30.15	63	b	18.83
35	b	30.60	95	a	30.05	95	b	18.82
58	bc	30.10	38	a	29.85	34*	bc	18.47
50	c	28.85	77	ab	29.52	1*	cd	17.90
45*	d	27.25	9	abc	28.90	16*	cd	17.77
23	e	25.75	40	abcd	28.50	5	cd	17.77
63	e	25.55	16*	bcde	27.80	2	cde	17.47
33	ef	25.25	53	bcdef	27.70	57*	cde	17.46
21	efg	24.80	44	cdefg	27.15	48*	cde	17.43
51	fgh	23.70	1*	defgh	26.63	14	cde	17.42
92	ghi	23.15	10*	defghi	26.53	46	cde	17.42
94	hij	22.82	2	defghi	26.42	55*	cde	17.40
48*	hij	22.38	32*	efghij	25.95	10*	cde	17.38
44	hijk	22.00	55*	efghij	25.81	66*	cde	17.36
38	hijk	22.00	15*	fghijk	25.66	33	cdef	17.25
57*	hijk	21.78	57*	fghijk	25.51	74	cdef	17.22
80*	hijk	21.68	74	ghijkl	25.42	23	defg	17.15
66*	hijk	21.60	5	ghijklm	25.22	15*	defgh	17.01
27*	ijkl	20.96	6	ghijklmn	25.10	35	defgh	16.95
28*	ijklm	20.80	48*	ghijklmn	24.93	77	defghi	16.82
1*	jklm	20.72	60*	ghijklmno	24.88	40	defghij	16.60
16*	jklmn	19.80	14	hijklmnop	24.55	44	efghijk	16.35
14	klmno	19.45	19	hijklmnop	24.47	101*	efghijkl	16.27
24	lmnop	19.45	27*	hijklmnop	24.38	26	efghijkl	16.25
19	lmnop	19.42	8*	hijklmnopq	24.35	60*	efghijkl	16.25
26	lmnop	19.30	92	hijklmnopqr	24.15	51	fghijklm	16.05
17*	lmnopq	19.25	26	ijklmnopqr	24.15	80*	fghijklmn	16.01
8*	lmnopq	19.15	35	ijklmnopqrs	24.07	21	ghijklmno	15.95
46	lmnopqr	19.02	101*	ijklmnopqrst	23.62	50	ghijklmno	15.90
95	lmnopqr	18.60	28*	ijklmnopqrst	23.56	64	ghijklmno	15.90
90	mnoqr	18.55	3*	ijklmnopqrst	23.48	17*	hijklmno	15.83
13	mnoqr	18.50	66*	lmnopqrstu	23.26	100	hijklmno	15.77
9	mnoqr	18.40	46	lmnopqrstuv	23.00	32*	ijklmno	15.60
77	nopqr	18.05	64	mnopqrstuv	22.95	6	jklmno	15.47
2	opqr	17.92	49*	mnopqrstuv	22.80	27*	jklmno	15.41
4*	opqr	17.90	68	mnopqrstuv	22.80	68	jklmno	15.40
6	opqr	17.77	34*	mnopqrstuv	22.68	28*	jklmno	15.40
40	opqr	17.72	21	mnopqrstuv	22.60	3*	klmno	15.21
60*	opqr	17.71	4*	opqrstuv	22.36	49*	klmno	15.16
5	opqr	17.65	100	pqrstuv	22.10	19	lmnop	15.02
34*	opqr	17.63	17*	qrstuv	21.87	53	mnopq	14.85
15*	opqr	17.55	33	rstuv	21.80	92	nopq	14.75
10*	opqr	17.38	24	rstuv	21.70	4*	opq	14.65
100	opqr	17.22	51	rstuv	21.65	38	opq	14.65
101*	opqr	17.05	63	stuv	21.60	90	opqr	14.00
32*	pqrst	16.85	106	tuv	21.15	13	qrs	13.80
74	qrst	16.82	50	uv	21.00	58	rst	13.45
68	qrst	16.65	80*	v	20.78	94	rst	13.05
53	rst	16.43	94	v	20.52	24	st	12.90
55*	st	16.33	58	w	18.70	7*	t	12.76
3	st	16.30	13	w	18.60	8*	t	12.72
64	st	16.20	7*	w	18.52	106	t	12.60
49*	t	14.93	45*	w	17.75	45*	t	12.46

* clones présents dans le dispositif 4 premiers blocs, clones > 3 rarnets

Annexe 4 : Tables d'Analyses de Variance

Dispositif : 4 blocs, clones > 3 ramets

Variable longueur (long)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	8381,49	399,11	51,79	0,0001
Bloc	3	29,65	9,88	1,28	0,2789

Variable largeur (larg)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	24784,80	1180,22	139,49	0,0001
Bloc	3	26,69	8,89	1,05	0,3688

Variable diamètre (diam)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	3838,19	182,77	81,22	0,0001
Bloc	3	27,79	9,26	4,12	0,0064

Variable R1 (long/larg)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	123,19	5,86	324,34	0,0001
Bloc	3	0,03	0,01	0,62	0,6013

Variable R4 (long/diam)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	245,08	11,67	330,52	0,0001
Bloc	3	0,036	0,01	0,34	0,7936

Variable R5 (larg/diam)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	20,65	0,98	22,11	0,0001
Bloc	3	0,09	0,03	1,04	0,3710

Annexe 4 (suite) : Tables d'Analyses de Variance

Dispositif : 4 blocs, tous clones

Variable longueur (long)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	53	40966,00	772,56	93,01	0,0001
Bloc	3	135,33	45,11	5,43	0,0010

Variable largeur (larg)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	53	18435,42	347,83	41,89	0,0001
Bloc	3	263,13	87,71	10,56	0,0001

Variable diamètre (diam)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	6324,99	119,33	52,10	0,0001
Bloc	3	32,67	10,89	4,75	0,0026

Variable R1 (long larg)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	183,46	3,46	179,37	0,0001
Bloc	3	0,26	0,08	4,53	0,0036

Variable R4 (long diam)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	346,72	6,54	179,99	0,0001
Bloc	3	0,15	0,05	1,45	0,2272

Variable R5 (larg diam)

Source d'erreur	ddl	SCE	CM	Fobs	Pr > F
Clone	21	61,50	1,16	35,09	0,0001
Bloc	3	0,68	0,22	6,87	0,0001

Annexe 5 : Détermination du nombre de mesures pour chaque caractère mesuré (Dagnélie, 1981)

Il est important de savoir quel *degré de confiance* on peut accorder aux moyennes calculées pour les critères mesurés sur les fruits et les graines de Teck. L'estimation d'une valeur "vraie" est liée à la notion d'intervalle de confiance. On détermine alors la *marge d'erreur* ou *l'erreur maximum d*, pour un degré de confiance 1- α .

On suppose la population normale et d'écart-type σ dans lequel on tire un échantillon simple et aléatoire.

$$d = u_{1-\alpha/2} \sigma / \sqrt{n}$$

u : variable normale réduite

On cherche donc n tel que :

$$n \geq \frac{u_{1-\alpha/2}^2 \sigma^2}{d^2}$$

au risque α donné

On a $\sigma_{\text{diamètre}} = 1,501 \text{ mm}$
 $\sigma_{\text{longueur}} = 2,957 \text{ mm}$
 $\sigma_{\text{largeur}} = 2,918 \text{ mm}$

pour $\alpha = 0,05$ $u_{1-\alpha/2} = 1,960$
pour $\alpha = 0,01$ $u_{1-\alpha/2} = 2,576$

Nombre de mesures pour le diamètre

précision cherchée	risque $\alpha = 0,05$	risque $\alpha = 0,01$
1mm	9	15
0,5mm	34	60
0,4mm	54	94
0,1mm	866	1496

Nombre de mesures pour la largeur

précision cherchée	risque $\alpha = 0,05$	risque $\alpha = 0,01$
1mm	33	57
0,5mm	130	226
0,4mm	205	354
0,1mm	3272	5650

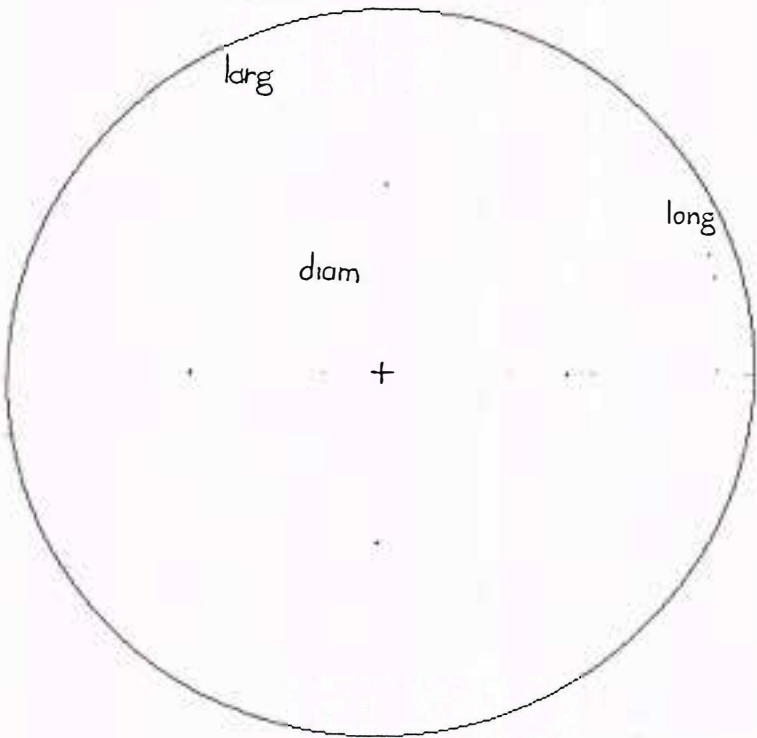
Nombre de mesures pour la longueur

précision cherchée	risque $\alpha = 0,05$	risque $\alpha = 0,01$
1mm	34	59
0,5mm	134	232
0,4mm	210	362
0,1mm	3360	5803

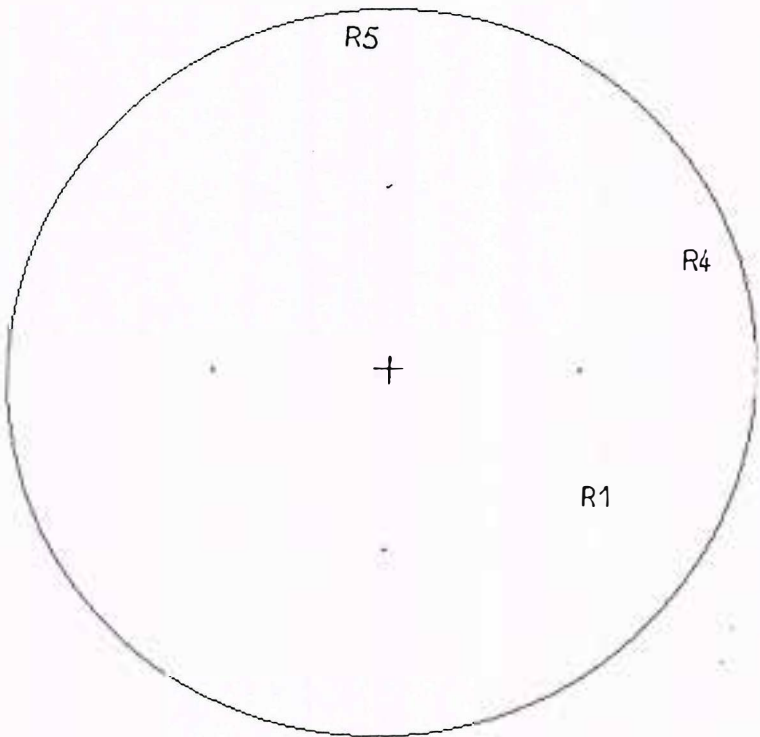
Avec l'échantillonnage réalisé pour cette étude qui varie selon les clones de 20 à 100 observations, on ne peut donc espérer atteindre une précision supérieure au millimètre, voire le demi-millimètre pour le diamètre.

Annexe 6 : Cercle des corrélations entre variables long, larg, diam et entre variables R1, R4, R5

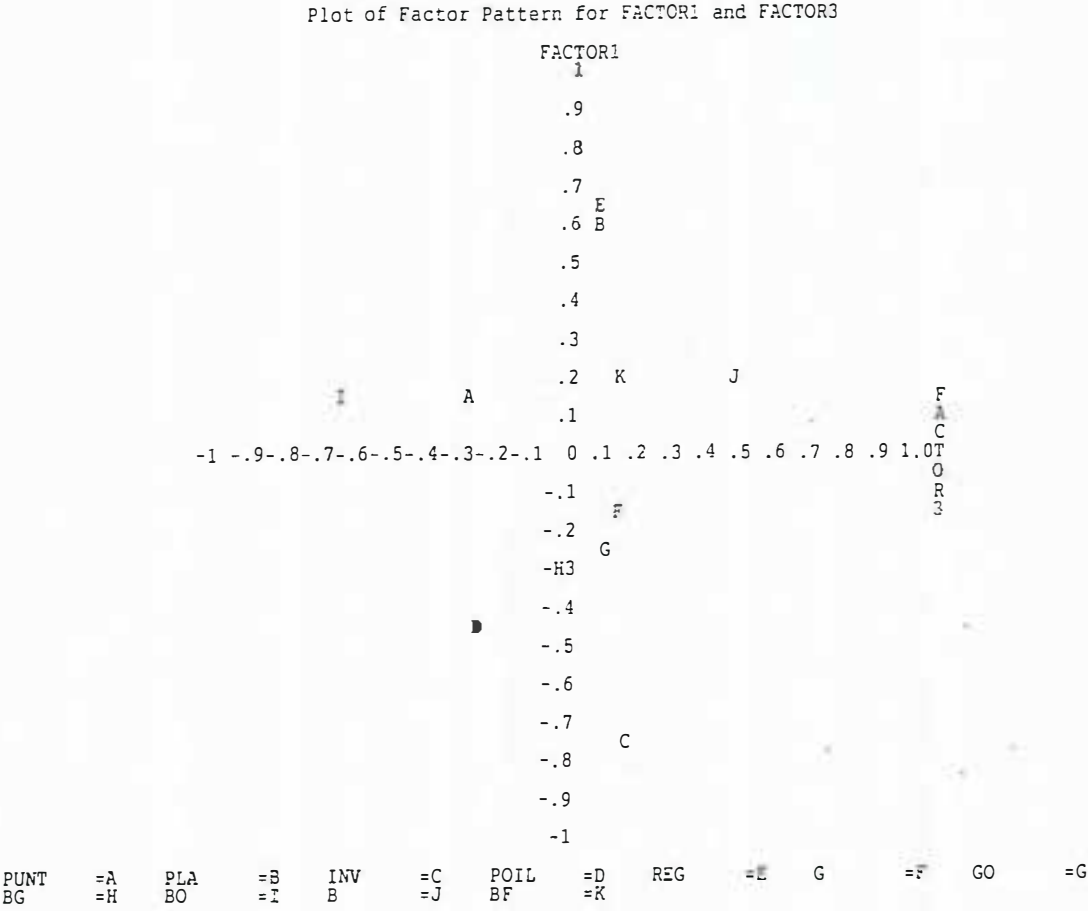
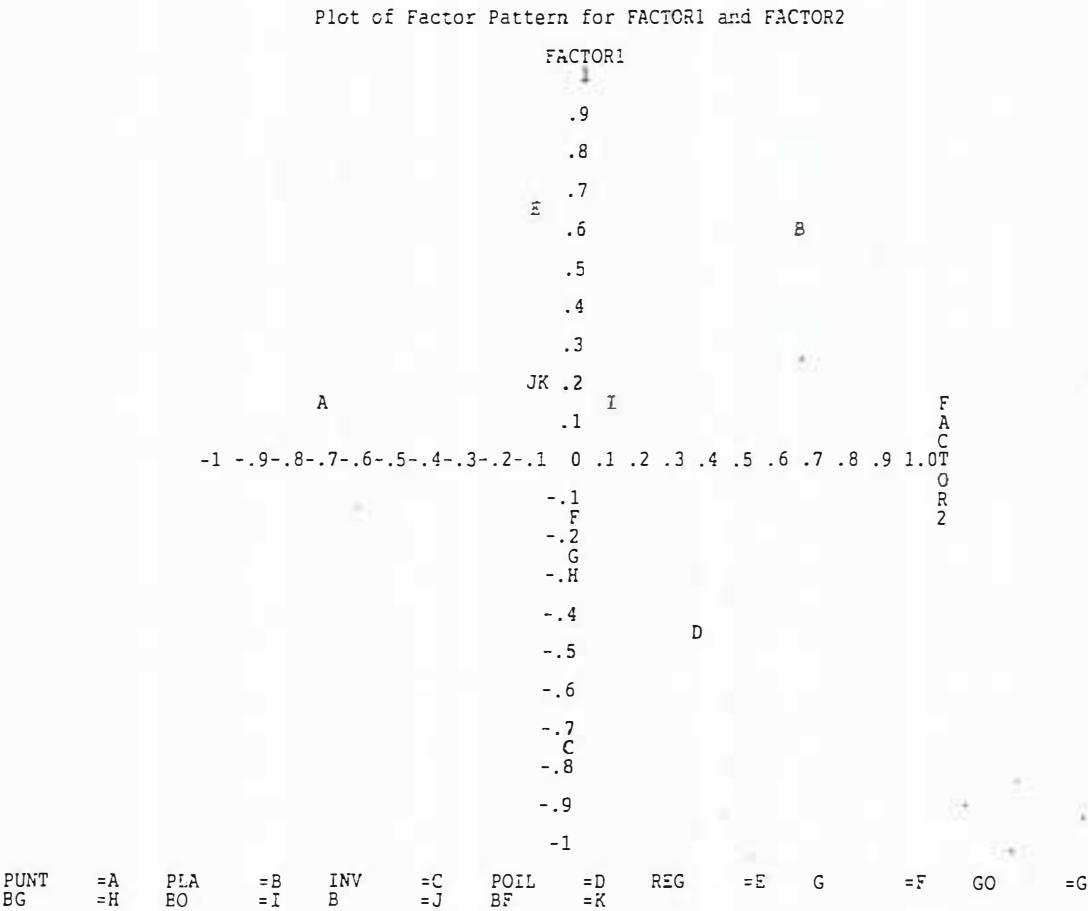
PRIN 1 horizontal PRIN 2 vertical



PRIN 1 horizontal PRIN 2 vertical



Annexe 7 : Analyse des Facteurs Principaux. Représentation des variables




```

/*****
/*      NOM : FRUTEK.sas
/*      TITRE : Analyse Morphologique des fruits de teck. VG Sangoue
/*      inventaire 1997
/*      CLEFS :
/*      DONNEES : frut$.txt
/*      AUTEUR : Gines Maldonado
/*      DATE : decembre 97
/*      MODULES : SAS/STAT
*****/

options pagesize=65 linesize=90;
data Teck;
infile 'c:\gines\tab\frut$.txt';
input bloc prov$ clone long larg diam llong poil punt reg color$;
R1=long/larg;
R2=llong/long;
R3=llong/larg;
R4=long/diam;
R5=larg/diam;
R6=long*larg;
proc sort;
by prov clone bloc;
run;

proc means noprint data=teck;          *moyennes et ecart-types generaux;
var long larg llong diam;
by prov clone;
output out=moy1 n=n mean=longmoy largmoy llongmoy diam moy std=slong slarg sdiam;
proc sort; by longmoy;
proc print data=moy1;
var prov clone n longmoy largmoy diam moy llongmoy;
run;

proc means noprint data=teck;          *moyennes et ecart-types coeff Ri;
var R1 R2 R3 R4 R5 R6;
by prov clone;
output out=moy2 n=n mean=R1m R2m R3m R4m R5m R6m;
proc sort; by prov;
proc print data=moy2;
var prov clone n R1m R2m R3m R4m R5m R6m;
run;

proc means noprint data=teck;          *tableau criteres qualitatifs;
var poil punt reg color;
by prov clone bloc;
output out=moy3 n=n mean=mpoil mpunt mreg color;
proc sort; by prov bloc;
proc print data=moy3;
var prov clone bloc n mpoil mpunt mreg color;
run;

data ANOVA1;                          * analyses de Variance;
set teck;
/* if clone=21 or clone=23 or clone=26 or clone=38 or clone=50 or clone=64
or clone=82 or clone=90 or clone=93 or clone=94 or clone=106 then delete;*/

/*if clone=2 or clone=5 or clone=6 or clone=9 or clone=13 or clone=14
or clone=19 or clone=21 or clone=23 or clone=24 or clone=26 or clone=33
or clone=35 or clone=38 or clone=40 or clone=44 or clone=46 or clone=50
or clone=51 or clone=53 or clone=58 or clone=63 or clone=64 or clone=68
or clone=74 or clone=75 or clone=76 or clone=77 or clone=82 or clone=89
or clone=90 or clone=92 or clone=93 or clone=94 or clone=95 or clone=100
or clone=106 then delete;*/

/*if clone=2 or clone=3 or clone=4 or clone=5 or clone=6 or clone=8
or clone=9 or clone=13 or clone=14 or clone=15 or clone=16 or clone=19
or clone=21 or clone=23 or clone=24 or clone=26 or clone=33 or clone=35
or clone=38 or clone=40 or clone=44 or clone=45 or clone=46 or clone=49
or clone=50 or clone=51 or clone=53 or clone=55 or clone=58 or clone=57
or clone=60 or clone=63 or clone=64 or clone=66 or clone=68 or clone=74
or clone=75 or clone=76 or clone=77 or clone=80 or clone=82 or clone=89
or clone=90 or clone=92 or clone=93 or clone=95
or clone=100 or clone=101 or clone=106 then delete;*/

if bloc=8 or bloc=7 or bloc=6 or bloc=5 then delete;

proc glm;          *ANOVA sur criteres mesures;
class prov clone bloc;
model long larg llong diam=clone bloc;
random clone;
means clone/snk;

```

```

run;

proc glm;                                *ANOVA sur criteres calcules;
class prov clone bloc;
model R1 R4 R5=clone;
random clone;
means clone/snk;
run;

proc means noprint data=ANOVA1;          *moyennes pour ACP;
var long larg llong diam;
by prov clone;
output out=moy3 n=n mean=longmoy largmoy llongmoy diam moy std=slong slarg sdiam;
proc sort; by longmoy;
proc print data=moy3;
var prov clone n longmoy largmoy diam moy llongmoy;
run;

proc means noprint data=ANOVA1;          *moyennes pour ACP;
var R1 R2 R3 R4 R5 R6;
by prov clone;
output out=moy4 n=n mean=R1m R2m R3m R4m R5m R6m;
proc sort; by prov;
proc print data=moy4;
var prov clone n R1m R2m R3m R4m R5m R6m;
run;

data ACP1;                               * analyse en Composantes Principales ;
set moy3;                                *regroupement en regions homogenes;
if prov='a' or prov='b' or prov='n' then prov='A';
if prov='c' or prov='g' or prov='l' then prov='1';
if prov='e' then prov='2';
if prov='h' or prov='j' or prov='k' or prov='p' then prov='B';
if prov='o' then prov='C';
if prov='f' or prov='d' then prov='3';
if prov='i' then prov='D';
if prov='q' then prov='E';
proc princomp cov out=prin;
var longmoy largmoy diam moy;
proc plot;
plot prin2*prin1=prov;
plot prin3*prin1=prov;
title1 'Analyse en composantes principales';
title2 'Crit res mesur s';
run;

data ACP2;
set moy4;
if prov='a' or prov='b' or prov='n' then prov='A';          *regroupement en regions homogenes;
if prov='c' or prov='g' or prov='l' then prov='1';
if prov='e' then prov='2';
if prov='h' or prov='j' or prov='k' or prov='p' then prov='B';
if prov='o' then prov='C';
if prov='f' or prov='d' then prov='3';
if prov='i' then prov='D';
if prov='q' then prov='E';
proc princomp cov out=prin;
var R1m R4m R5m;
proc plot;
plot prin2*prin1=prov;
plot prin3*prin1=prov;
plot prin4*prin1=prov;
title1 'Analyse en composantes principales';
title2 'Crit res Ri';
run;

```

```
data afctk;  
infile 'c:\gines\tab\afc.txt';  
input prov$ clone bloc poil pla punt inv reg g go bg b bf bo;  
proc factor data=afctk priors=max msa scree residual preplot;  
var punt pla inv poil reg g go bg bo b bf ;  
title3 'Principal Factor Analysis';  
proc print;  
run;
```

annexe 9 : Tableau de contingence

regio	prov	clo	poil	diam	color	forme	reg	long	larg	R6	R1	R4	R5
2	e	7	1	12 76	0	3	1	33 75	18 52	625 05	1.822354212	2 644984326	1.451410658
3	f	8	1	12 81	0	2	1	17 75	23 98	425 645	0.740200167	1 385636222	1 87197502
3	d	6	1	15 47	0	1	1	17 77	25 1	448 027	0.707968127	1.148674855	1.622495152
3	d	100	1	15 77	0	2	1	17 22	22 1	380 562	0.77918552	1.091946734	1.401395054
A	n	92	1	14 75	0	2	0	23 15	24 15	559 0725	0.958592133	1.569491525	1.637288136
A	b	3	1	15 21	0	3	0	16 33	23 48	383 4284	0.69548552	1.073635766	1.543721236
B	h	32	1	15 67	0	2	0	18 81	25 91	487 3671	0.725974527	1.200382897	1.653477983
C*	o	94	1	13 05	0	2	1	20 52	20 52	468 2664	1.11208577	1.748659004	1.572413793
D	i	24	1	12 2	0	2	1	20 27	357 7655	0 870744943	1.446721311	1.66147541	
D	i	45	1	12 46	0	3	0	17 75	483 6875	1.535211268	2.186998395	1.424558587	
D	i	58	1	12 9	0	2	1	18 52	559 304	1.630669546	2.341085271	1.435658915	
D	i	68	1	15 6	0	2	0	22 15	352 185	0 717832957	1.019230769	1.419871795	
D	i	77	1	16 82	0	1	0	18 05	29 52	532 838	0.611449864	1.073127229	1.755053508
D**	i	23	1	17 15	0	2	1	25 75	30 15	776 3625	0.854063018	1.501457726	1.758017493
A	b	10	1	14 45	1	1	0	20 95	21 02	440 369	0.996669838	1.44982609	1.454671128
A	b	57	1	14 65	1	3	1	17 9	22 36	400 244	0.800536673	1 221843003	1 526279863
A	b	15	1	15 16	1	1	0	14 93	22 8	340 404	0.654824561	0 984828496	1 503957784
A	a	17	1	15 83	1	2	0	19 25	21 87	420 9975	0.880201189	1.216045483	1.381554011
B	p	101	1	16 28	1	2	0	16 83	23 05	387 9315	0.730151844	1.033783784	1.415847666
A	n	82	1	16 95	1	1	0	17 55	26 2	459 81	0 669847328	1 03539823	1 545722714
A**	u	74	1	16 90	0	3	0	18 03	25 23	454 8969	0 714625446	1 061837456	1 485865724
A	b	14	1	17 01	0	2	0	17 55	25 66	450 333	0 683043882	1 031746032	1 508524397
A	a	33	1	17 25	1	1	0	25 25	21 8	550 45	1 158256881	1 463768116	1 263768116
A	a	66	1	17 36	0	2	1	21 6	23 26	502 416	0 928632846	1 244239631	1 339861751
A	b	9	1	17 38	1	1	0	17 38	26 53	461 0914	0 655107426	1	1 526467204
A	a	55	1	17 4	0	3	0	16 43	25 81	424 0583	0 636574971	0 944252874	1 483333333
A	b	13	1	17 42	0	2	0	19 45	24 55	477 4975	0 792260692	1.116532721	1.409299656
A	a	46	1	17 42	1	1	1	19 02	23	437 46	0 826956522	1.09184845	1.32032147
A	a	48	1	17 43	0	2	1	22 38	24 93	557 9334	0 897713698	1.283993115	1 430292599
A	b	49	1	17 46	0	1	0	21 78	25 51	555 6078	0 85378283	1.24742268	1.461053837
A	a	2	1	17 47	0	1	0	17 92	26 42	473 4464	0 678274035	1 025758443	1.512306812
A	a	16	1	17 55	0	1	0	19 03	26 95	512 8585	0 706122449	1.084330484	1 535612536
A	b	4	1	17 77	0	2	1	17 65	25 22	445 133	0 699841396	0 993247046	1.41924592
A	a	1	1	17 0	0	1	0	20 72	26 63	551 7736	0 778069846	1.157541899	1.487709497
A	a	34	1	18 47	1	2	0	17 63	22 68	399 8484	0 777336881	0 954520845	1 227037195
E*	q	95	1	18 82	1	1	0	18 6	30 05	558 93	0 618968386	0 988310308	1.596705632
A	b	5	1	20 32	1	1	0	18 2	28 47	518 154	0 639269406	0 895669291	1 401082677
B	p	106	0	12 6	0	1	1	31 05	21 15	656 7075	1 468085106	2 464285714	1 678571429
A	a	75	0	13 8	0	2	1	21 2	22 77	482 724	0 931049627	1 536231884	1 65
B	p	90	0	14	0	3	1	18 55	30 5	565 775	0 608196721	1 325	2 178571429
E*	q	89	0	14 72	1	2	1	17	24 27	412 59	0 700453234	1 154891304	1 648777174
B**	k	76	0	15 02	0	2	0	25 77	23 87	615 1299	1 079597822	1 715712383	1 589214381
	g	19	0	15 02	0	2	1	19 42	24 47	475 2074	0 793624847	1 292942743	1 629161119
	g	27	0	15 38	0	3	1	20 86	24 17	504 1862	0 863053372	1 356306892	1 571521456
	g	28	0	15 4	0	3	1	20 8	23 56	490 048	0 892852292	1 350649351	1 52987013
	c	64	0	15 9	0	2	1	16 2	22 95	371 79	0 705882353	1 018867925	1 443396226
	g	50	0	15 9	0	3	1	28 85	21	605 85	1 373809524	1 814465409	1 320754717
	g	51	0	15 92	1	3	1	21 95	21 27	466 8765	1 031969011	1 378768844	1 336055276
	l	80	0	16 01	0	2	1	21 68	20 78	450 5104	1 043310876	1 354153654	1 297938788
	l	93	1	16 3	1	2	1	28 75	19 95	573 5625	1 441102757	1 763803681	1 22392638
	c	44	0	16 35	0	2	1	22	27 15	597 3	0 810313076	1 345565749	1 66050459
	c	40	0	16 6	0	2	1	17 72	28 5	505 02	0 621754366	1 06746988	1 71686747
	g	35	0	16 95	0	2	1	30 6	24 07	736 542	1 271292065	1 805309735	1 420058997
1	g	63	0	19 17	1	2	1	27 45	22 55	618 9975	1 2172949	1 431924883	1 176317162
B	h	21	0	15 95	1	3	1	24 8	22 6	560 48	1 097345133	1 554858934	1 4169279
B	h	53	0	16 12	0	1	0	18 72	26 62	498 3264	0 703230654	1 161290323	1 651364764
B	j	60	0	16 25	0	2	1	17 71	24 88	440 6248	0 71181672	1 089846154	1 531076923
B	j	26	0	16 25	0	2	1	19 3	24 15	466 095	0 799171843	1 187692308	1 486153846

clone atypique
région retirée de la clé
clone restitué